

XIV



SIMPÓSIO BRASILEIRO DE

**MICROBIOLOGIA
APLICADA**

**VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Simpósio-Satélite sobre Colibacilose Aviária**

ANAIS

PORTO ALEGRE, 23 A 25 DE NOVEMBRO DE 2022

Editado por

Fabiana Horn

Patricia Valente da Silva

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
PORTO ALEGRE, 23 A 25 DE NOVEMBRO DE 2022**

Anais

XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada
VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Simpósio Satélite sobre Colibacilose Aviária

23 a 25 de novembro de 2022, Porto Alegre, Brasil

ISSN 2237-1672

Porto Alegre, Brasil

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

2022

Comissão Organizadora

Docentes:

Dra. Fabiana Horn - presidente
Dra. Amanda de Souza da Motta
Dra. Daniele Misturini Rossi
Dra. Marisa da Costa
Dra. Patricia Valente

Discentes:

Andreia Lermen
Brenda Marinho
Bruno Milnitsky
Camila Coutinho
Camila Moraes
Camila Neugebauer
Cintia Martins
Eduarda Vargas Abati
Lucero Huasasquiche Sarmiento
Lucas Bocker
Raquel R. Mocellin
Rodolfo Ribas
Thaís Diehl
Thaisla Borella
Vitória L. Di Domenico
Wellington Junior

PROGRAMAÇÃO

23 de novembro

10:30h – 12:00h WORKSHOP (presencial com transmissão online)

ENGLISH SCIENTIFIC WRITING

Dr. Julian D. Gross - Universidade de Oxford

24 de novembro

SIMPÓSIO-SATÉLITE
(presencial com transmissão online)

8:30h – 9:30h MESA-REDONDA

Antimicrobianos na produção: controle da colibacilose e resistência.

Marisa Ribeiro de Itapema Cardoso (UFRGS), Benito Guimarães de Brito (IPVDF), Renata Katsuko Takayama Kobayashi (UEL)

9:30h – 10:30h MESA-REDONDA

Virulência de *E. coli* patogênicas aviárias (APEC) e patogênese da colibacilose

Charles M. Dozois (INRS, Laval, Canadá), Melha Mellata (Iowa State University, EUA)

10:30h—11:00h COFFEE-BREAK

11:00h – 12:00h WORKSHOP (presencial com transmissão online)

ENGLISH SCIENTIFIC WRITING

Dr. Julian D. Gross - Universidade de Oxford

25 de novembro

SIMPÓSIO-SATÉLITE
(presencial com transmissão online)

8:30h – 10:00h MESA-REDONDA

Imunologia aviária e vacinas anti-APEC disponíveis

Rodrigo Guabiraba (INRA, Tours, França) e Josias Vogt (Zoetis)

10:00h – 10:30h COFFEE-BREAK

10:30h – 12:00h MESA-REDONDA

Processos para o controle da colibacilose aviária

Terezinha Knöbl (USP), Gerson Nakazato (UEL), Fabiana Horn (UFRGS)

23 de novembro

(online)

13:00h – 13:45h ABERTURA

13:45h – 14:50h PALESTRA DE ABERTURA
Thoughts on the Mode and Tempo of Bacterial Evolution

Dr. Roberto Kolter (Harvard Medical School - EUA)

14:50h – 15:50h PALESTRA

Bactérias magnetotáticas e suas aplicações biotecnológicas

Dra. Fernanda Abreu (UFRJ - RJ)

15:50h – 16:05h INTERVALO

16:05h – 18:00h MESA-REDONDA

Tema: Evolução do SARS-CoV-2

Vigilância genômica de SARS-CoV-2 no RS: achados principais

Dr. Fernando Spilki (FEEVALE - RS)

Processo Evolutivo do SARS-CoV-2

Dr. Tiago Graf (FIOCRUZ - RJ)

18:00h – 19:00h PÔSTERES E VÍDEOS

Modalidades: Ambiental, Biotecnologia e Ensino e Extensão

24 de novembro

(online)

13:00h – 14:00h PATROCINADORES

14:00h – 15:00h PALESTRA

Population genetics of natural isolates of *Escherichia coli*

Dr. Erick Denamur (Universidade de Paris - França)

15:00h – 16:00h PALESTRA

From insects to plants – Phenotypic heterogeneity of insect pathogenic *Photobacterium luminescens* and its application in biocontrol

Dr. Ralf Heermann (Universidade Johannes-Gutenberg - Alemanha)

16:00h – 16:15h INTERVALO

16:15h – 16:55h PALESTRA

Evolução dos *Enterococcus*: a história contada pelos genes

Dra. Janira Pritchula (Harvard Medical School - EUA)

17:10h – 18:00h PALESTRA

Origem e destino de mutações PHO-constitutivas.

Dr. Beny Spira (USP - SP)

18:00h – 19:00h PÔSTERES E VÍDEOS

Modalidades: Agrária, Parasitologia e Clínica

25 de novembro

(online)

13:00h – 14:00h PATROCINADORES

14:00h – 14:50h PALESTRA

Bioprospection of *Saccharomyces* native yeasts from Southamerica and technological implications.

Dr. Diego Libkind (Universidad Nacional del Comahue - Argentina)

14:50h – 15:05h INTERVALO

15:05h – 17:00h MESA-REDONDA -

Tema: Parasitologia

Amebas com carapaças ajudam a entender a história da vida deixando suas marcas nas rochas, genes e ambientes.

Dr. Daniel Lahr (USP - SP)

Deteção e caracterização molecular de *Giardia duodenalis* em amostras ambientais do Brasil.

Dr. Diego Leal (UFPR - PR)

17:00h – 18:30h ENCERRAMENTO E PREMIAÇÕES

SUMÁRIO

Apresentação

15

Modalidade Agrária

- AVALIAÇÃO DE CEPAS DE *Streptomyces* spp. COMO POTENCIAIS AGENTES DE BIOCONTROLE PARA *Pyrenophora tritici-repentis*. *Priscila Monteiro Pereira, Flávio Martins Santana, Sueli Van Der Sand* AG001
- BIOSSOLUBILIZAÇÃO DE FÓSFORO DE PÓ DE ROCHA POR INOCULAÇÃO DE ISOLADOS DE *Trichoderma* spp. *Arthur Costa Pereira Santiago de Almeida, Clara Beatriz Ataíde, Maria Clariana da Silva, Lívia Ribeiro da Silva, Tania Marta Carvalho dos Santos, João Manoel da Silva* AG002
- ANÁLISE DA MODULAÇÃO DA MICROBIOTA GASTROINTESTINAL POR TRATAMENTO “IN VITRO” DE FEZES DE LEITÕES COM PREBIÓTICOS. *Bruno Milnitsky, Gertrudes Corção* AG003
- BIOPROSPECÇÃO DE BACTÉRIAS DO SOLO COM POTENCIAL DE CONTROLAR O CRESCIMENTO MICELIAL DE *Macrophomina phaseolina*. *João Antonio da Silva, Luana Karolyne Salomão de Almeida, Bruna Marcela de Lima, Emanuele Julio Galvão de França, Luis Eduardo Azevedo Marques Lescano* AG004
- ASSOCIAÇÃO DE EXTRATOS VEGETAIS NO CONTROLE DA MASTITE BOVINA BACTERIANA EM PRODUÇÕES LEITEIRAS. *Gabriel Michelutti do Nascimento, Romário Alves Rodrigues, Milena Souza Reis, Marita Vedovelli Cardozo, Flávio Rubens Favaron* AG005
- BENEFÍCIO NATURAL DE BACTÉRIAS EM ASSOCIAÇÃO ENDOFÍTICA COM CULTIVOS ORGÂNICOS. *Aícha Daniela e Ribas Ribas, Leticia Fontoura Xavier Costa, Marcia Heloisa da Silva, Akio Santos Matsumura, Akira Santos Matsumura, Aida Santos Matsumura* AG006
- MOLECULAR CHARACTERIZATION OF *Enterococcus hirae* STRAINS ISOLATED FROM WILD BIRDS KEPT IN CAPTIVITY IN RIO DE JANEIRO, BRAZIL. *Andréa de Andrade Rangel FREITAS, Aline Eugenia Souza, Maria Fernanda Cursino Amaral Santos, Pedro do Amaral Bernardes, Lucia Martins Teixeira* AG007
- IMOBILIZAÇÃO DAS CÉLULAS DE *Trichoderma* spp. EM ALGINATO DE CÁLCIO E AVALIAÇÃO DA VIABILIDADE EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE ARMAZENAMENTO. *Maria Clariana Silva, Clara Beatriz Ataíde, Valéria Dantas, Arthur Almeida, Paula Cibelly Silva, Tania Marta Santos* AG008
- EFEITO BIOPROTETOR DE *Lacticaseibacillus rhamnosus* LB1.5 E APLICAÇÃO EM PRODUTO LÁCTICO. *Nathasha Noronha Arechavaleta, Andréia Monique Lermen, Amanda de Souza da Motta* AG009
- COMPORTAMENTO DA *Erwinia psidii* EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE PH. *Giovanna Cerbaro, Paulo Roberto Dall Cortivo, Thainá Fogliatto Moreira, Roberto Lanna Filho, Talyta Galafassi Zarpelon, Edival Ângelo Valverde Zauza, Reginaldo Gonçalves Mafía* AG010

POTENCIAL DE EXTRATOS DA PRÓPOLIS DAS ABELHAS AFRICANA E MANDAÇAIA NO CONTROLE IN VITRO DE <i>Monilinia fructicola</i> . <i>Vanucci Marcos Santi, Marcia Redecker, Jonathan Eduardo Giehl Mueller, Aquidauana Miqueloto Zanardi, Caliandra Bernardi, Maristela dos Santos Rey, Keli Cristina Fabiane</i>	AG011
EFEITO DO MÉTODO DE PRESERVAÇÃO DE AMOSTRAS NA DIAGNOSE DO RAQUITISMO DA SOQUEIRA. <i>Ana Carolina de Medeiros, Alfredo Seiiti Urashima</i>	AG012
SOBREVIVÊNCIA DE <i>Erwinia psidii</i> EM FILOPLANO DE CAPIM-BRAQUIÁRIA (<i>Brachiaria decumbens</i>). <i>Paulo Roberto Dallcortivo, Thainá Fogliatto Moreira, Giovanna Cerbaro Shuh, Roberto Lanna Filho, Talyta Galafassi Zarpelon, Edival Angelo Valverde Zauza, Reginaldo Gonçalves Mafia</i>	AG013
ISOLAMENTO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DE VARIEDADES DE ALGODOEIRO. <i>Luana P. P. Korber, Enilson L. S. de Sá</i>	AG014
USO PROFILÁTICO DE BACTERIÓFAGOS LÍTICOS NATIVOS NA REDUÇÃO DA COLONIZAÇÃO DE FRANGOS POR <i>Salmonella HEIDELBERG</i> . <i>Clarissa Silveira Luiz Vaz, da Fonseca Noé Francisco, Marcos Antônio Zanella Morés, Arlei Coldebella</i>	AG015
AVALIAÇÃO DA NATAMICINA EM UM MODELO EXPERIMENTAL EX VIVO DE CERATITE FÚNGICA EQUINA. <i>Maira Haase Pacheco, Luana Candice Genz Bazana, Anderson Ramos Carvalho, João Antônio Tadeu Pigatto, Alexandre Menegello Fuentesfria</i>	AG016
POTENCIAL ANTIMICROBIANO DO ÓLEO ESSENCIAL DE ORÉGANO FRENTE À ISOLADOS PATOGÊNICOS DE ALIMENTOS. <i>Vitória Leite Di Domenico, Amanda de Souza da Motta</i>	AG017
Virulence Gene Analysis of APEC from Poultry in Georgia, USA. <i>Julia Ienes-Lima, Nicolle L Barbieri, Meaghan M Young, Yu-Yang Tsai, Breck N Peterson, Catherine M Logue</i>	AG018
ANTAGONISTIC ACTIVITY OF <i>Lactobacillus curvatus</i> P99 AGAINST <i>Listeria monocytogenes</i> ISOLATES. <i>Giovana Wink Faleiro</i>	AG019
UTILIZAÇÃO DA CARACTERÍSTICA NATURAL DE PRODUÇÃO DE MELANINA COMO INDICADOR DA PRESENÇA DE BACTÉRIAS (MELA+) EM INFECÇÕES ENDOFÍTICAS EM GRAMÍNEAS E LEGUMINOSAS. <i>Marcel Luiz Pabst, Enilson Luiz Saccol de Sá</i>	AG020
ANÁLISE METAGENÔMICA DO VIROMA DE TONSILAS DE BÚFALOS DA ILHA DE MARAJÓ, PARÁ. <i>Francine Cezar Bandeira Timm, Raíssa Nunes dos Santos, Fabrício Souza Campos, Bruna Paredes Galarza, Nicole Vieira Stone, Gisele Barcelos Seberino, Lina Marcela Violet Lozano, Fernanda Marques de Souza Godinho, Richard Steiner Salvato, Ana Cláudia Franco, Paulo Michel Roehle, Maria Audiléia da Silva Teixeira, Gabriela Riet Correa Rivero, Valéria Duarte Cerqueira, Pedro Soares Bezerra Júnior</i>	AG021
USO DE DIFERENTES FORMULADOS QUÍMICOS E BIOLÓGICOS PARA O CONTROLE IN VITRO DA <i>Erwinia psidii</i> . <i>Thaina Fogliatto Moreira, Paulo Roberto Dall Cortivo, Giovanna Cerbaro, Roberto Lanna Filho, Talyta Galafassi Zarpelon, Edival Ângelo Valverde Zauza, Reginaldo Gonçalves Mafia</i>	AG022
USO DO ACA PARA ISOLAMENTO DE ACTINOMICETOS A PARTIR DE FEZES DE SUÍNOS. <i>Victória Santarém Perachi, Amanda Cardoso, Bruno Milnitsky, Gertrudes Corção, Marisa da Costa</i>	AG023
CONTAGEM DE COLIFORMES TOTAIS E TERMOTOLERANTES, APÓS TRATAMENTO SUPERFICIAL, NA CASCA DE OVOS DE CODORNA. <i>Livia Ribeiro Da Silva, Arthur Costa</i>	AG024

Modalidade Ambiental

INATIVAÇÃO DE <i>Escherichia coli</i> COM NÉVOA DE OZÔNIO. <i>Kerolyn Corrêa Cabral, Bethania Brochier</i>	AM001
AVALIAÇÃO DOS FATORES DE VIRULÊNCIA DE ISOLADOS DE <i>Escherichia coli</i> OBTIDOS DE ÁGUAS PARA CONSUMO HUMANO. <i>Gabriele Lopes Socossiuc, Isabella da Silva Pardim, Rita de Cassia Gonçalves Chaves, Lais Anversa, Erika Kushikawa Saeki</i>	AM002
ENSAIO DE ANTAGONISMO MICROSCÓPICO IN VITRO DE ACTINOBACTÉRIAS CONTRA FUNGOS FITOPATOGÊNICOS. <i>Heloísa Giacomelli Ribeiro, Vitor de Oliveira Triz, Sueli Teresinha Van Der Sand</i>	AM003
TIPAGEM MOLECULAR POR ERIC-PCR E PESQUISA DE GENES DE VIRULÊNCIA EM <i>Escherichia coli</i> ISOLADAS DE BIOFERTILANTES SUÍNOS. <i>Mariana de Oliveira Silva, Miguel Augusto de Moraes, Rafael da Silva Goulart, Rafael Nakamura Silva, Leonardo Pinto de Medeiros, Renata Katsuko Takayama Kobayashi, Gerson Nakazato, André da Silva Pitondo</i>	AM004
AS APARÊNCIAS ENGANAM: IDENTIFICAÇÃO DE AMEBAS TECADAS PARA ESTUDOS DE COMUNIDADES BIOLÓGICAS. <i>Giulia Magri Ribeiro, Daniel José Galafasse Lahr</i>	AM005
RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS NA MICROBIOTA DE PINGUINS ANTÁRTICOS. <i>Guilherme de Ávila Rodrigues, Fabiana Horn, Homero Dewes, Maycon Trindades Boneberg, Maria Virginia Petry</i>	AM006
NOVO E PROMISSOR ISOLADO DE <i>STREPTOMYCES SP.</i> : CARACTERIZAÇÃO DE MOLÉCULAS BIOATIVAS COM ATIVIDADE ANTIFÚNGICA. <i>João Paulo Duarte Witusk, Sueli Van Der Sand</i>	AM007
IDENTIFICAÇÃO DE BACTÉRIAS HALOTOLERANTES EM AMOSTRAS DE ÁGUA PRODUZIDA DA INDÚSTRIA DE ÓLEO E GÁS. <i>Thaís Diehl, Gabriela Feix Pereira, Gertrudes Corção</i>	AM008
EFEITO DOS BIOCIDAS THPS E GLUTARALDEÍDO EM BIOFILMES DE BACTÉRIAS REDUTORAS DE SULFATO PROVENIENTES DE PLATAFORMAS DE PETRÓLEO. <i>Gabriela Feix Pereira, Taiah Rosin, Gertrudes Corção</i>	AM009
ANÁLISE DA DIVERSIDADE BACTERIANA EM BIOFILMES ECOLÓGICOS E SEU POTENCIAL PARA A DEGRADAÇÃO DE COMPOSTOS POLUENTES DE DOIS PONTOS NO CURSO DO VACAÍ-MIRIM DE SANTA MARIA-RS. <i>Cintia Martins, Ana Paula Guedes Frazzon</i>	AM010
DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE KOMBUCHA PRODUZIDA COM INGREDIENTES ORGÂNICOS E CONVENCIONAIS- PRINCIPAIS RESULTADOS. <i>Luana Lermen Becchi, Lucas Bergamaschi Bergamaschi, Douglas Henrique Giovanella Rodrigues, Mônica Jachetti Maciel, Daiane Heidrich</i>	AM011
CONTAMINAÇÃO FÚNGICA EM MATÉRIA VEGETAL UTILIZADA NA MEDICINA TRADICIONAL DO ESTADO DO RIO GRANDE DO NORTE, SEMIÁRIDO NORDESTINO. <i>Francisco Angelo Gurgel da Rocha, Caroline Gomes Benedito, Magnólia Fernandes Florêncio, Nilma Dias Leão Costa</i>	AM012

DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS ASSOCIADAS AO CICLO DO ENXOFRE COM CAPACIDADE DE PRODUZIR DIMETILSULFURETO NO ATLÂNTICO SUDOESTE BRASILEIRO. <i>William Soares Gattaz Brandão, Diana Carolina Duque Castaño, Vivian Helena Pellizari</i>	AM013
DEMONSTRAÇÃO DE CULTURÔMICA NA DISCIPLINA DE DIVERSIDADE BACTERIANA. <i>Marisa da Costa, Victória Santarém Perachi, Amanda Calcagno Cardoso</i>	AM014
ATIVIDADE ANTAGONISTA DE ISOLADOS DE <i>Bacillus</i> SP. CONTRA FUNGOS FITOPATOGÊNICOS. <i>Daniel Vieira da Silva, João Paulo de Olivera, Maria Luiza Abreu Nicoletto, Guilherme Gonçalves de Godoy, Gustavo Manoel Teixeira, Aline Ratuchne, Fauze Guilherme de Mântova José, Admilton Gonçalves de Oliveira</i>	AM015
COMUNIDADES DE LEVEDURAS ISOLADAS A PARTIR DE SEDIMENTO EM UM MANGUEZAL NO NORDESTE BRASILEIRO. <i>Victor Tavares Firmino dos Santos Tavares Daniel, Melissa Fontes Landell, Aldeci Fraça Araújo Dos Santos</i>	AM016
PROSPECÇÃO DO POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE <i>Bacillus altitudinis</i> 1.4 ISOLADO DE UMA ÁREA ÚMIDA NA REGIÃO SUL DO BRASIL. <i>Priscila Ribeiro Jankoski, Amanda de Souza da Motta</i>	AM017
<i>DETECTION OF optra AND poxta GENES IN Enterococcus casseliflavus ISOLATES OBTAINED FROM BRAZILIAN WATER SOURCES. Lucas David Rodrigues dos Santos, João Pedro Rueda Furlan, Rafael Da silva Rosa, Micaela Santana Ramos, Eduardo Angelino Savazzi, Eliana Guedes Stehling</i>	AM018
<i>IDENTIFICAÇÃO DE LIPOPEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS PRODUZIDOS POR Bacillus SPP. COM POTENCIAL ATIVIDADE ANTIVIRAL. Henrique Ataíde Isaia, Adriano Brandelli</i>	AM019
PESQUISA DE ARBOVÍRUS EM MOSQUITOS SILVESTRES (DIPTERA: CULICIDAE) DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL. <i>Nícolas Felipe Drumm Müller, Jáder da Cruz Cardoso, Fabricio Souza Campos, Aline Alves Scarpellini Campos, Marcelo de Moura Lima, Cláudia Maria Dornelles da Silva, Alanis Silva Melgarejo, Maria Júlia Soares Chaves Ximenez, Thales de Lima Bermann, Lina Marcela Violet Lozano, Ana Cláudia Franco</i>	AM020
MONITORING OF SARS-COV-2 IN PORTO ALEGRE'S SEWAGE SLUDGE. <i>Joao Pedro Stepan Wagner, Maria Fernanda Rech, Caroline Rigotto, Fabiana Horn</i>	AM021
<i>AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE Enterococcus sp. EM AMOSTRAS CLOACAIS DE AVES MARINHAS TROPICAIS DO ARQUIPÉLAGO DOS ABROLHOS/BA, BRASIL. Raquel Rita Mocellin, Camila Coutinho dos Santos, Guilherme Tavares Nunes, Ana Paula Guedes Frazzon</i>	AM022
UTILIZAÇÃO DE INGREDIENTES ORGÂNICOS E CONVENCIONAIS NA PRODUÇÃO DE KOMBUCHA - ANÁLISE DA MICROBIOTA. <i>Douglas Henrique Giovanella Rodrigues, Luana Lermen Becchi, Mônica Jachetti Maciel</i>	AM023
EFEITO DE EDTA, CLIOQUINOL E 8-HIDROXIQUINOLINA SOBRE FUNGOS DETERIOGÊNICOS DE COMBUSTÍVEIS (MISTURA B20). <i>Rodolfo Krüger da Câmara Ribas, Alexandre Meneghello Fuentesfria, Saulo Fernandes de Andrade, Fátima Menezes Bento</i>	AM024

Modalidade Biotecnologia

BUSCA POR SUBSTÂNCIAS ANTIMICROBIANAS PRODUZIDAS POR FUNGOS FILAMENTOSOS DO BAIXO RIO TAPAJÓS, PARÁ, BRASIL. <i>Vanessa dos Santos Bentes, Eveleise Samira Martins Canto</i>	BI001
PRODUÇÃO DE ÁCIDO LÁCTICO POR LACTOBACILLUS PLANTARUM PELA CASCA DA SOJA. <i>Isabela Raymann Scherer, Daniele Misturini Rossi</i>	BI002
CARACTERIZAÇÃO DO SORO DE LEITE DE BÚFALA COMO FONTE DE BACTÉRIAS LÁCTICAS COM POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO. <i>Andréia Monique Lermen, Adriano Brandelli, Amanda de Souza da Motta</i>	BI003
POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE LEVEDURAS PROVENIENTES DE BROMÉLIAS DA CAATINGA ALAGOANA. <i>Bruno Emanuel Da Silva Nascimento, Melissa Fontes Landell, Ciro Ramon Félix dos Santos Silva</i>	BI004
BIODESCOLORAÇÃO DE CORANTE TÊXTIL POR ISOLADOS BACTERIANOS PROVENIENTES DE DIFERENTES ORIGENS. <i>Giovana Santos de Gois, Ariane Izuhara dos Santos, Milena Medeiros Carneiro dos Santos, Isabela Cristina Bezerra, Giovanna Freitas da Silva, Bruna Marcela de Lima, Luana Karolyne Salomão de Almeida, Luciana Furlaneto Maia, Marcia Cristina Furlaneto, Luis Eduardo de Souza Gazal, Emanuele Julio Galvão de França</i>	BI005
PROSPECÇÃO DE LEVEDURAS ASSIMILADORAS DE XILOSE NA MICROBIOTA DO INTESTINO DE LAGARTAS Spodoptera frugiperda. <i>Maria Luíza Rodrigues Albarello, Letícia Milani, Viviani Tadioto, Anderson Giehl, Angela Alves dos Santos, Boris Ugarte Stambuk, Sérgio Luiz Alves Jr</i>	BI006
DESVENDANDO APEC: O QUE A GENÔMICA COMPARATIVA DA CEPA BEN2908 TEM A DIZER SOBRE COLIBACILOSE AVIÁRIA. <i>Tobias Weber Martins, Angelina Trotereau, Simone Iahnig Jacques, Maxime Branger, Raul Simon Batista, Sebastián Houle, Charles Dozois, Daniel Brisotto Pavanelo, Fabiana Horn, Catherine Schouler</i>	BI007
ESTUDO DA TOXICIDADE DE SAIS IMIDAZÓLICOS EM LINHAGEM CELULAR DE MOSQUITOS (DIPTERA:CULICIDAE). <i>Wellington Junior da Silva, Leonardo Francisco Diel, Harry Luiz Pilz-Júnior, Tarcísio de Freitas Milagres, Alessandra Bittencourt de Lemos, Marcelo Lazzaron Lamers, Lisiane Bernardi, Onilda Santos da Silva</i>	BI008
EVALUATION OF PROBIOTIC CHARACTERISTICS OF Bacillus sp. P45 THROUGH GENOMIC ANALYSIS. <i>Carolini Esmeriz da Rosa, Cristian Mauricio Barreto Pinilla, Flávio Fonseca Veras, Adriano Brandelli</i>	BI009
ANÁLISE METAGENÔMICA DE UMA AMOSTRA DE CERVEJA ARTESANAL MISTA (GOSE SOUR BEER) SEQUENCIADA PELO MÉTODO SHOTGUN. <i>Ana Carolina Humberto, René Aduan Júnior, Yara Natércia Lima Faustino de Maria, David Aciole Barbosa, Daniela Leite Jabes, Luiz Roberto Nunes, Fabiano Bezerra Menegidio</i>	BI010
VALORIZATION OF FISHERY PROCESSING WASTE FOR COST-EFFECTIVE PRODUCTION OF BIOMASS AND BIOSURFACTANT BY Mucor hiemalis UCP 1309. <i>Dayana Montero-Rodríguez, Rafael S. Mendonça, Everton R. C. Costa, Allem K. D. Silva, Luanna J. S. Melo, Adriana F. Souza, Ranilson S. Bezerra, Rosileide F. S. Andrade, Galba M. C. Takaki</i>	BI011
BIOCONVERSÃO DE SUBSTRATOS RENOVÁVEIS COMO ALTERNATIVA PARA A BIOSSÍNTESE DE PIGMENTOS POR ESPÉCIES DE Aspergillus spp. <i>Uiara Maria de Barros Lira Lins, Renata Andreia dos Santos, Rafael de Souza Mendonça, Allem Karolyne Dino da Silva, Dayana Montero Rodriguez, Sérgio Selisman Silva Dantas, Rosileide Fontenele Silva Andrade, Galba Maria Campos Takaki</i>	BI012
GENOMIC ANALYSIS OF A YEAST WITH POTENTIAL FOR BEER PRODUCTION, ISOLATION AN APIARY. <i>Yara Natércia Lima Faustino de Maria, Ana Carolina Humberto, Ana Carolina</i>	BI013

<i>de Oliveira Ramos Siqueira, Rene Aduan Júnior, David Aciole Barbosa, Regina Costa de Oliveira, Fabiano B. Menegidio, Daniela Leite Jabes, Luiz R Nunes</i>	
UTILIZAÇÃO BIOTECNOLÓGICA DO DO BAGAÇO DE MALTE EM BIOPROCESSOS. <i>Daniele Misturini Rossi, Débora Jung Luvizetto Faccin, Andrei Weber Vieira</i>	BI014
COST-EFFECTIVE PRODUCTION OF BIOSURFACTANT BY <i>Absidia cylindrospora</i> var. <i>cylindrospora</i> UCP 1301. <i>Rafael S Mendonça, Dayana M Rodríguez, Uiara M B L Lins, Isabela N S Ferreira, Everton R C Costa, Allem K D Silva, Adriana F Souza, Rosileide F S Andrade, Galba M Campos-Takaki</i>	BI015
PRODUÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE KOMBUCHA SABORIZADA COM INFUSÃO DE <i>Ilex Paraguariensis</i> A. St.- Hil. <i>Amanda Luisa Ströher, Mônica Jachetti Maciel, Luana Lermen Becchi</i>	BI016
HIDROLISADOS DE PENAS COM POTENCIAL USO NA FORMULAÇÃO DE NANOESTRUTURAS DE QUERATINA. <i>Naiara Jacinta Clerici, Daniel Joner Daroit, Adriano Brandelli</i>	BI017
BACTÉRIAS ISOLADAS DE CUPINS: POTENCIAL ENZIMÁTICO PARA PRODUÇÃO DE BIOCOMBUSTÍVEL. <i>Suzan Prado Fernandes Bernal, Caroline Da Costa Silva Goncalves, Michel Rodrigo Zambrano Passarini</i>	BI018
AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DO LIPOPEPTÍDEO P34 SOBRE <i>Staphylococcus aureus</i> . <i>Lucas Bayer Brocker, Adriano Brandelli</i>	BI019
PRODUÇÃO DE BIOCOSURFACTANTE POR <i>Penicillium citrinum</i> UCP 1183 UTILIZANDO RESÍDUO DA INDÚSTRIA DO PESCADO. <i>Everton Ricardo Ricardo Costa, Dayana Montero Rodríguez, Luanna Júlia Silva de Melo, Ranilson De Souza Bezerra, Galba Maria de Campos Takaki, Rosileide Fontenele da Silva Andrade</i>	BI020
IDENTIFICAÇÃO DE COMPOSTOS BIOATIVOS DE MICRORGANISMOS ISOLADOS DO SAPINHO-ADMIRÁVEL-DE-BARRIGA-VERMELHA (<i>Melanophryniscus admirabilis</i>) CONTRA BACTÉRIAS DO GRUPO ESKAPE. <i>Camila Coutinho dos Santos, Raquel Rita Mocellin, Julia Ienes Lima, Marcio Borges Martins, Ana Paula Guedes Frazzon</i>	BI021
REAPROVEITAMENTO DE RESÍDUOS AGROINDÚSTRIAS NA PRODUÇÃO SUSTENTÁVEL DE BIOMASSA OLEAGINOSA POR <i>Penicillium citrinum</i> UCP 1183 . <i>Allem K D Silva, Dayana Montero Rodríguez, Rafael S Mendonça, Everton R C Costa, Adriana F Souza, Galba M C Takaki, Rosileide F S Andrade</i>	BI022
AVALIAÇÃO DE ESTRATÉGIA DE CULTIVO DA <i>Tetrademus obliquous</i> EM SUBSTRATOS AGROINDÚSTRIAS RENOVÁVEIS. <i>Renata Andreia Santos, Uiara Maria Barros Lins, Ana Lucia Figueiredo Porto, Galba Maria Campos Takaki, Marcos Antônio Barbosa Lima, Raquel Pedrosa Bezerra</i>	BI023
POTENCIAL APLICAÇÃO DE BIOCOSURFACTANTE NA INDÚSTRIA DE COSMÉTICOS: ESTUDO DA EMULSÃO FORMADA COM ÓLEO DE AÇAÍ E PROPILENOGLICOL. <i>Ingrid Yoshimura, Lucas Prado Leite, Jonas Contiero</i>	BI024
A NOVEL <i>E. coli</i> K-12 DH5A STRAIN PLATAFORM FOR POLYHYDROXYALKANOATE (PHA) PRODUCTION FROM SUCROSE. <i>Fernanda Batista de Andrade, Fernanda Batista de Andrade, Joneclei Alves Barreto, Matheus Victor Maso Lacôrte e Silva, Jeferson Gross, Jonas Contiero</i>	BI025

Modalidade Clínica

EXPERIÊNCIA DO DIAGNÓSTICO MOLECULAR DA COVID-19 NO INSTITUTO ADOLFO LUTZ DE PRESIDENTE PRUDENTE-SP. <i>Erika Kushikawa Saeki, Esperdina Silva de Paula Foltran, Mariza Menezes Romão</i>	CL001
ATIVIDADE ANTIBACTERIANA E O DESENVOLVIMENTO DE RESISTÊNCIA BACTERIANA ÀS INFECÇÕES FÁGICAS APÓS EXPOSIÇÕES SUCESSIVAS A BACTERIÓFAGOS INÉDITOS. <i>Letícia de Souza Moda Silva, Viviane de Cássia Oliveira, Rachel Maciel Monteiro, Tatiana Areas da Cruz, Evandro Watanabe</i>	CL002
SEROLOGICAL CROSS-REACTION BETWEEN DENV AND SARS-CoV-2 IN NORTHWESTERN PARANÁ, BRAZIL: A CASE REPORT. <i>Léo Shigueki Sato, Deborah de Castro Moreira, Dennis Armando Bertolini</i>	CL003
A COMPREHENSIVE MOLECULAR EPIDEMIOLOGY STUDY OF SARS-COV-2 VIRUS REVEALS AN INITIAL LOCAL TRANSMISSION OF THE DELTA VARIANT IN PORTO ALEGRE, SOUTHERN BRAZIL. <i>Vanise Pereira de Medeiros, Victória Borgmann Antonio de Souza, Henrique Leal de Oliveira, João Vitor Barboza Cardoso, Carolina Vaccari Batista, Amanda Muliterno Domingues, Sara Hartke, Gabriela Pasqualim, Ilma Simoni Brum</i>	CL004
VERIFICAÇÃO DOS EFEITOS ANTISÉPTICOS APÓS O USO DE DIFERENTES ENXAGUANTES BUCAIS. <i>Josiele Salet Tischer, Raquel Bordignon, Ana Luiza Terres da Rosa, Juliana Pertussatti</i>	CL005
INVESTIGAÇÃO DO POTENCIAL ANTIFÚNGICO DE ASSOCIAÇÃO QUÁDRUPLA DE FÁRMACOS FRENTE FUNGOS DE IMPORTÂNCIA EM INFECÇÕES OCULARES. <i>Paula Reginatto, Giovanna de Jesus Agostinetto, Alexandre Meneghello Fuentefria</i>	CL006
ATIVIDADE ANTI-CANDIDA DE UM PEPTÍDEO DERIVADO DA TOXINA DE ANFÍBIOS COMBINADO COM FÁRMACOS ANTIFÚNGICOS DE USO CLÍNICO. <i>Gabriela Fracine Martins Lopes, Thayane de Carvalho, Frederico Pereira, Sarah Vaz, Lucas Carvalho, Jarbas Resende, Jaqueline Ferreira</i>	CL007
EFEITO ANTIBIOFILME PROMOVIDO POR METABÓLITOS DE <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ISOLADA DE RIZOSFERA. <i>Bruna Marcela De Lima, Emanuelle Julio Galvão de França</i>	CL008
ANÁLISE COMPARATIVA DE ADESÃO E INVASÃO CELULAR DE <i>Escherichia coli</i> UROPATOGÊNICAS E ENDOMETRIAIS PATOGÊNICAS ISOLADAS SIMULTANEAMENTE EM ANIMAIS DE COMPANHIA. <i>Cassiane Elisabete Lopes, Camila Azevedo Moni, Maria Eduarda Dias, Tainara Soares Weyh, Franciele Maboni Siqueira</i>	CL009
COMPARAÇÃO DO PERFIL DE SUSCETIBILIDADE DE ISOLADOS CLÍNICOS DE <i>Candida lusitanae</i> FRENTE A DIFERENTES ANTIMICROBIANOS. <i>Lavínia da Veiga Pereira, Tiago Rizzi, Paula Reginatto, Jadé André de Souza, Alexandre Meneghello Fuentefria</i>	CL010
IDENTIFICAÇÃO DE ENDOSSIMBIONTES BACTERIANOS DE <i>Acanthamoeba</i> spp. ISOLADAS DE CERATITE INFECCIOSA E ÁGUA DA TORNEIRA. <i>Camila Neugebauer Mello, Gertrudes Corção</i>	CL011
ATIVIDADE ANTIBACTERIANA DE EXTRATO HIDROETANÓLICO DE FLORES DE <i>Ipomoea horsfalliae</i> . <i>Rodrigo Sorrechia, Camila Cristina Bacetti Medeiros, João Vitor Carvalho Constantini, Rafaela Regina Fantatto, Rosemeire C. L. R. Pietro</i>	CL012

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL ANTIMICROBIANO DE ÓLEOS ESSENCIAIS COMERCIAIS. <i>Isabel Maria Figueiredo Maciel Pacheco, Matheus Lopes Santiago, Natalia Iorio Lopes Pontes Póvoa, Helvécio Cardoso Corrêa Póvoa</i>	CL013
PERFIL DE SUSCEPTIBILIDADE AOS ANTIMICROBIANOS DE <i>Escherichia coli</i> ISOLADAS DE ANIMAIS SELVAGENS DO NORTE DO PARANÁ, BRASIL. <i>Laura Brida, Andressa de Souza Oliveira, Renata Alfredo, Benito Guimarães de Brito, Kelly Cristina Tagliari de Brito, Gerson Nakazato, Renata Katsuko Takayama Kobayashi, Emanuele Júlio Galvão de França, Luís Eduardo de Souza Gazal</i>	CL014
ASSOCIAÇÃO DUPLA DA NITROXOLINA COM ANTIFÚNGICOS FRENTE A FUNGOS LEVEDURIFORMES DE INTERESSE CLÍNICO. <i>Jade André de Souza, Roger Ferreira Gomes, Paula Reginatto, Gabriella da Rosa Monte Machado, Alexandre Meneguello Fuentesfria</i>	CL015
PERFIL E PREVALÊNCIA DE RESISTÊNCIA AOS ANTIMICROBIANOS DE <i>Staphylococcus</i> ISOLADOS DE OTITE CANINA. <i>Simara Ackermann, Jéssica Gomes Maciel, Tatiane Ascari, Sandy Boeni, Gabriele Casagrande, Paola Andressa Neves Luna, Jaeli Fernanda Maule Girelli, Diane Alves De Lima, Liziane Bertotti Crippa</i>	CL016
DIVERSIDADE BACTERIANA E FÚNGICA EM MÁSCARAS FACIAIS. <i>Ariel Danzmann, Raquel de Castilhos</i> <i>Meirelles</i>	CL017
SUSCEPTIBILIDADE DE ESPÉCIES DE <i>CANDIDA</i> A SAIS IMIDAZOLÍNIOS E PIRRÓIS. <i>Clarissa Martins Leal Schrekker, Romano V. A. Orru, Henri Stephan Schrekker</i>	CL018
AVALIAÇÃO DO PERFIL DE SUSCEPTIBILIDADE DE IMPORTANTES ESPÉCIES DE <i>Candida</i> ASSOCIADAS A CANDIDÍASE ORAL FRENTE À NISTATINA E A UM DERIVADO DE 8-HIDROXIQUINOLINA. <i>Tiago Rizzi, Lavínia da Veiga Pereira, Paula Reginatto, Alexandre Meneghello Fuentesfria</i>	CL019
BRONCOPNEUMONIA CAUSADA POR <i>Granulicatella balaenopterae</i> EM BALEIA-JUBARTE. <i>Maria Eduarda Dias, Gabriela Merker Breyer, Anderson Gris, Luciana Sonne, Franciele Maboni Siqueira</i>	CL020
ESTABLISHING AND CHARACTERIZING A BRAZILIAN COLLECTION OF NEWBORN MENINGITIS-CAUSING <i>Escherichia coli</i> . <i>Simone Iahnig Jacques, Tobias Weber Martins, Raul Simon Batista, Luis Fernando dos Santos, Joice Reis Pedreira, Christian de Alencar Siebra, Rita de Cássia Silveira, Caroline Pissetti, Fabiana Horn</i>	CL021
QUALIDADE MICROBIOLÓGICA DE SANEANTES. <i>Antonio Marcio Barbosa Junior, Nathan Barbosa Campos, Francielle V. Silva, Brenda S. de Andrade</i>	CL022
TERAPIA FOTODINÂMICA MEDIADA POR HIPERICINA-P123 INDUZ A VIA NECRÓTICA NO FUNGO <i>Microsporum canis</i> . <i>Camila Barros Galinari, Tiago de Paula Bianchi, Pollyanna Cristina Vicenzi Conrado, Patrícia de Souza Bonfim de Mendonça, Terezinha Inez Estivalet Svidzinski</i>	CL023
MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO IN SILICO DO GENOMA MITOCONDRIAL DO FUNGO PATOGÊNICO DE INTERESSE VETERINÁRIO <i>Malassezia equina</i> (Malasseziales, Exobasidiomycetes). <i>Alexandre Santos Simeone, Rafaela de Campos Oliveira, Gabriel Barbosa Huszcz, Gledison Eric Teixeira, David Aciole Barbosa, Fabiano Bezerra Menegidio, Luiz Roberto Nunes, Daniela Leite Jabes, Regina Costa de Oliveira, Karine Kavalco, Rubens Pasa, Igor Rodrigues, Renan Rocha</i>	CL024
AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE ANTIMICROBIANO DO EXTRATO E DA INFUSÃO DE <i>Camellia sinensis</i> EM CEPAS DE <i>Staphylococcus aureus</i> . <i>Luís Henrique Nunes de Souza, Daniela Dib</i>	CL025

Gonçalves, Lidiane Nunes Barbosa, Isabela Carvalho dos Santos, Luiz Eduardo Nunes Ferreira, Priscila Luiza Mello

- MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO IN SILICO DO GENOMA MITOCONDRIAL DO FUNGO PATOGÊNICO *Malassezia caprae*. *Rafaela de Campos Oliveira, Alexandre Santos Simeone, Gabriel Huszcz, Gledison Eric Teixeira, Renan Rocha, Igor H. Rodrigues Oliveira, Daniela L. Jabes, Karine F. Kavalco, Rubens Pasa, Luiz R. Nunes, Regina Costa de Oliveira, David Aciole Barbosa, Fabiano B. Menegidio* CL026
- RASTREIO DA VARIANTE ÔMICRON ATRAVÉS DE GENOTIPAGEM NA CIDADE DE PORTO ALEGRE/RS. *Victória Borgmann Antonio de Souza, Vanise Pereira de Medeiros, Henrique Leal de Oliveira, João Vitor Barboza Cardoso, Carolina Vaccari Batista, Sara Hartke, Gabriela Pasqualim, Ilma Simoni Brum* CL027
- PREVALÊNCIA DE RINOTRAQUEITE INFECCIOSA BOVINA (IBR) EM REBANHO NA ESTAÇÃO EXPERIMENTAL DE LAGES, SC. *Sandra Denise Mendes, João Frederico dos Passos, Maicon Lorena Pinto* CL028
- CRIOCOCOSE EM FELINO ORIUNDO DE PORTO ALEGRE: RELATO DE CASO. *Gabriele Casagrande, Jaeli Fernanda Maule Girelli, Paola Andressa Neves Luna, Simara Ackermann, Mabel Martins Pacheco, Liziane Bertotti Crippa, Diane Alves de Lima* CL029
- MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO IN SILICO DO GENOMA MITOCONDRIAL DO FUNGO PATOGÊNICO DE INTERESSE DERMATOLÓGICO *Malassezia dermatitis* (Malasseziales, Exobasidiomycetes). *Gabriel Barbosa Huszcz, Rafaela Campos de Oliveira, Igor Rodrigues Oliveira, David Aciole Barbosa, Daniela Jabes, Karine Kavalco, Rubens Pasa, Luiz Nunes, Fabiano Barbosa Menegidio* CL030

Modalidade Parasitologia

- PREVALENCE OF FREE-LIVING AMOEBAE IN SWIMMING POOLS AND RECREATIONAL WATERS, A SYSTEMATIC REVIEW AND META-ANALYSIS. *Beni Jequicene Mussengue Chaúque, Denise Leal dos Santos, Davood Anvari, Marilise Brittes Rott* PA001
- FREE-LIVING AMOEBAE IN CONTEXT OF ONE HEALTH APPROACH. *Denise Leal dos Santos, Beni Jequicene Mussengue Chaúque, Veridiana Gomes Virginio, Christina Pettan-Brewer, Henri Stephan Schrekker, Marilise Brittes Rott* PA002
- ISOLAMENTO E IDENTIFICAÇÃO DE *Acanthamoeba* NO PERÍODO DO VERÃO A PARTIR DE ESTAÇÕES DE TRATAMENTO DE ESGOTO EM PORTO ALEGRE, BRASIL. *Thaisla Cristiane Borella da Silva, Marilise Brittes Rott* PA003
- PREDIÇÃO METABÓLICA DA COMUNIDADE BACTERIANA DE LARVAS DE *Aedes aegypti* E *Aedes albopictus* EXPOSTAS A SAIS IMIDAZÓLICOS. *Harry Luiz Pilz Júnior, Alessandra Bittencourt de Lemos, Wellington Silva Junior, Edmilson dos Santos, Jáder da Cruz Cardoso, Gertrudes Corção, Henri Stephan Schrekker, Onilda Santos da Silva* PA004
- ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE AMEBAS DE VIDA LIVRE PATOGÊNICAS EM AMBIENTES AQUÁTICOS EM PORTO ALEGRE, RS – RESULTADOS PRELIMINARES. *Brenda Teixeira Scardini Marinho, Marilise Brittes Rott* PA005
- AVALIAÇÃO DA CONTAMINAÇÃO POR PROTOZOÁRIOS PATOGÊNICOS EM PISCINAS PRIVADAS CLORADAS, INTERNAS E EXTERNAS, DESTINADAS A RECREAÇÃO HUMANA PA006

EM CURITIBA E REGIÃO METROPOLITANA. *José Augusto Juski Junior, Luciana Karbiak, Israel Adrian Ríos Cereza, Gustavo Strieder Scherer, Felipe Danyel Cardoso Martins, Roberta Lemos Freire, Karin Silva Caumo, Diego Averaldo Guiguet Leal*

Modalidade Ensino e Extensão

MICROBIOLOGANDO: CIÊNCIA FEITA COM TRUE NEWS. *Patricia Valente, Bruno Lopes Breda, Matheus Becker Freitas, João Pedro Rodrigues Gonçalves, Carlos Eugênio Silva, Tiago Degani Veit* EE001

PROPOSIÇÃO DE UMA PERSPECTIVA ECOLÓGICO-EVOLUTIVA NA MICROBIOLOGIA COMO ESTRATÉGIA DIDÁTICA PARA AMPLIAR A COMPREENSÃO SOBRE O MUNDO MICROBIANO. *Fernando Bueno Ferreira Fonseca de Fraga, Bárbara Letícia Botura Schünemann, Rúbia Marília de Medeiros* EE002

Apresentação

Nos dias 23, 24 e 25 de novembro de 2022 ocorreu a décima quarta edição do evento anual do Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada (XIV SBMA), tradicionalmente oferecido pelo Programa de Pós-Graduação de Microbiologia Agrícola e do Ambiente (PPGMAA), da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS). Esta edição ocorreu concomitantemente com o VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada (VI ELAMA) e com o Simpósio Satélite sobre Colibacilose Aviária. O tema desta edição foi “*Evolução Microbiana*” e contou com a participação de palestrantes e convidados nacionais e internacionais.

A organização do evento foi coordenada pela professora Dr^a Fabiana Horn e a Comissão Organizadora do Simpósio foi composta por um grupo de professores e alunos do PPGMAA. O evento foi realizado no formato híbrido, com as atividades da parte da manhã sendo realizadas presencialmente no Salão de Atos da Faculdade de Agronomia da UFRGS, havendo transmissão online em tempo real e tradução simultânea de palestras proferidas no idioma inglês. As atividades da parte da tarde foram realizadas no formato virtual, com os palestrantes utilizando a plataforma Zoom e as palestras sendo transmitidas por meio da *Plataforma Encontro Digital* (<https://microbiologia-2022.encontrodigital.com.br/>), possibilitando a interação entre os participantes do evento e os palestrantes. Pela manhã, também foi oferecido o Workshop on English Scientific Writing, ministrado pelo Dr. Julian D. Gross (Universidade de Oxford). O público-alvo do evento foram os alunos de graduação, pós-graduação e profissionais, com interesse nas áreas de Microbiologia Ambiental, Microbiologia Agrária, Microbiologia Clínica, Biotecnologia, Parasitologia e Ensino e Extensão.

O XIV SBMA / VI ELAMA / Simpósio Satélite teve 206 inscritos, provenientes de três países (Brasil, EUA e Alemanha). Entre os inscritos no Brasil, tivemos representantes das regiões Sul (RS, SC e PR), Sudeste (SP, RJ e MG), Nordeste (CE, SE, PE, AL, MA, PB e RN), Centro-Oeste (DF, MT e MS) e Norte (PA, RR e AM), demonstrando a amplitude do impacto científico causado pelo evento. Foram publicados 111 resumos nos Anais do evento, sendo 24 na modalidade Agrária, 24 na Ambiental, 25 em Biotecnologia, 30 na Clínica, seis em Parasitologia e dois em Ensino e Extensão. A qualidade científica e a diversidade dos trabalhos apresentados são representativas da pesquisa realizada em nosso país. Os melhores trabalhos de cada modalidade foram premiados.

Profa. Dra. Fabiana Horn

Modalidade Agrária

Realização



Patrocínio



Apoio



Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Avaliação de cepas de *Streptomyces* spp. como potenciais agentes de biocontrole para *Pyrenophora tritici-repentis*

Priscila Monteiro Pereira¹, Flávio Martins Santana², Sueli Van Der Sand¹

E-mail: pmonteiro18@gmail.com

1- Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Laboratório de Microbiologia Aplicada, Sarmiento Leite 500, Porto Alegre, RS, Brasil.

2- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Clima Temperado, BR-392, km 78 Monte Bonito, Pelotas, RS, Brasil.

Streptomyces spp. é um gênero de actinobactéria capaz de produzir diversos compostos bioativos podendo ser utilizados como agentes de controle biológico e complementando as estratégias de manejo integrado de doenças. A utilização de bactérias benéficas é uma das melhores alternativas para diminuir o uso de defensivos químicos na agricultura e contribuir para uma produção mais sustentável. *Pyrenophora tritici-repentis* (*Ptr*) é o agente causal da mancha amarela, a principal mancha foliar do trigo no estado do Rio Grande do Sul, e que tem como principal forma de controle o uso de fungicidas. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a capacidade antifúngica dos *Streptomyces* sp. isolados 6(4) e R18(6) e do consórcio destas duas cepas frente ao fitopatógeno *P. tritici-repentis*. Para isso, os mesmos foram testados nos ensaios *in vitro* em placas de ágar batata dextrose e pelo método da folha destacada, a capacidade de inibição do crescimento micelial, alterações morfológicas na germinação de *Ptr* e a redução do índice de doença. Em placas de ágar, *Streptomyces* sp. 6(4) inibiu 44% do crescimento micelial de *Ptr* e produziu os maiores halos de inibição quando utilizado seu extrato bruto (≥ 20 mm). Foram também observados excesso de clamidósporos e plasmólise nas hifas de *Ptr* em presença dos extratos. O ensaio da folha destacada mostrou que os extratos brutos livres de células destes *Streptomyces* spp. reduziram o índice de doença, onde os isolados 6(4), R18(6) e o consórcio apresentaram eficácia de biocontrole de 100, 90 e 95% respectivamente. No experimento em casa de vegetação, a inoculação destas cepas no momento da semeadura e aplicação do extrato bruto nas folhas das plântulas de trigo, resultou em diminuição da porcentagem da área lesionada e incrementou a massa seca das plantas tratadas em relação ao controle (somente *Ptr*) ($P < 0,05$). Os isolados de *Streptomyces* spp. também foram capazes de produzir AIA, sideróforo e ácidos orgânicos para solubilização de fosfatos. No conjunto destes resultados inferimos que, os isolados de *Streptomyces* spp. na raiz e o extrato bruto na parte aérea contribuiu para a diminuição do estresse biótico causado pela infecção do fitopatógeno favorecendo o crescimento e defesa da planta. Portanto, concluímos que *Streptomyces* sp. 6(4) e o consórcio das duas cepas demonstraram capacidade promissora como agente de biocontrole para *P. tritici-repentis*, podendo assim, contribuir para o manejo mais sustentável da mancha amarela.

Palavras chaves: *Streptomyces* spp., *Pyrenophora tritici-repentis*, extrato bruto, agente de biocontrole, mancha amarela.

BIOSSOLUBILIZAÇÃO DE FÓSFORO DE PÓ DE ROCHA POR INOCULAÇÃO DE ISOLADOS DE *Trichoderma spp*

Arthur Costa Pereira Santiago de Almeida¹, Clara Beatriz Ataíde¹, Maria Clariana da Silva¹, Lívia Ribeiro da Silva¹, Tania Marta Carvalho do Santos¹, João Manoel da Silva²

(arthur.almeida@ceca.ufal.br)

1 – Universidade Federal de Alagoas

2 – Universidade Estadual do Piauí

As práticas agrícolas insustentáveis estão vinculadas a dependência de aplicações indiscriminadas e excessivas de fertilizantes fosfatados químicos que podem ter efeitos negativos sobre a sustentabilidade da segurança do solo e do meio ambiente. Uma alternativa moderna para reduzir a dependência de fertilizantes químicos convencionais é o uso de pó de rochas na agricultura, produto de fácil manuseio, com maior efeito residual e de menor impacto ao ambiente. O emprego dos Micro-organismos Solubilizadores de Fosfatos (MSF) desempenha um importante papel na disponibilização deste macronutriente fundamental para manutenção do crescimento e do desenvolvimento vegetal, tornando-os assim em uma ferramenta útil na gestão da fertilização com fósforo. Desta forma, esse estudo buscou avaliar a solubilização de fósforo de rocha moída empregando inoculação de isolados de *Trichoderma spp*. Os fungos utilizados para os testes foram isolados do solo onde se cultivavam hortaliças e identificados por suas características macroscópicas e microscópicas. O procedimento do ensaio quanto a solubilização de fosfato foi realizado por meio da fermentação em meio de cultura SAMPAIO adaptado com o pó de rocha, resíduo da produção de brita, como única fonte de fósforo. A presença de fósforo solúvel em meio de cultura líquido foi evidenciado pela formação de uma coloração amarelada ao realizar a mistura com o reagente molibdato-vanadato de amônio e também pela formação de halo em meio de cultura sólido NBRIP. Os isolados B1 e B2 demonstraram um alto índice de solubilização (5,50 cm e 4,87 cm respectivamente), calculado pela razão entre a média do diâmetro dos halos e a média dos diâmetros das colônias de cada isolado após 5, 10 e 15 dias de incubação. Com relação ao fator tempo os melhores resultados foram verificados aos 15 dias de incubação que diferiu estatisticamente dos demais. Esses resultados comprovam o alto índice da biossolubilização do fosfato inorgânico presente no pó de rocha moída promovidos pelos isolados de *Trichoderma spp*, evidenciando o potencial promissor desta pesquisa para formulação de ferramentas ecológicas, produtivas e de baixo custo para a agricultura.

Palavras-chave: Sustentabilidade; Fertilização; Fosfato de rocha; MSF; Fungos filamentosos

ANÁLISE DA MODULAÇÃO DA MICROBIOTA GASTROINTESTINAL POR TRATAMENTO “IN VITRO” DE FEZES DE LEITÕES COM PREBIÓTICOS

Bruno Pinheiro Milnitsky¹, Gertrudes Corção¹

bruno.milnitsky@gmail.com

1 – Centro de Microbiologia Agrícola e do Meio Ambiente, UFRGS

O estudo da microbiota e seu efeito sobre o seu hospedeiro é uma nova área nas ciências biológicas que demonstrou resultados promissores e possíveis benefícios, não só para a saúde humana, mas também para a agropecuária. Há um interesse atual em encontrar uma alternativa para a utilização de antibióticos na produção animal, uma vez que o número de espécies resistentes a estes compostos tem atingido níveis preocupantes. Um dos possíveis substitutos são os prebióticos, substâncias não-digestíveis que podem estimular o crescimento e desenvolvimento de bactérias que oferecem efeitos positivos sobre a saúde humana.

O projeto tem como objetivo avaliar os efeitos da utilização de dois prebióticos, mananoligossacarídeos e ácido butírico, sobre a microbiota suína gastrointestinal, averiguando as modificações nas populações bacterianas e suas características. O estudo consistiu na simulação de duas secções do intestino suíno, íleo e cólon proximal, montada a partir da inoculação de fezes suínas em frascos contendo um substrato quimicamente semelhante ao ambiente gastrointestinal, recebendo ou não diferentes tratamentos com prebióticos e avaliação das espécies bacterianas através de culturomica e de seu perfil de suscetibilidade a antibióticos por CIM. Os isolados bacterianos foram identificados via MALDI-TOF e a análise da resistência à antibióticos dos isolados será realizada por CIM.

Embora a culturômica tenha resultado no isolamento de diversas espécies bacterianas diferentes, houve um número baixo de bactérias gram negativas, mesmo com a utilização de meios seletivos. As espécies encontradas através de culturomica e identificação por MALDI-TOF foram *Enterococcus faecium*, *Enterococcus faecalis*, *Rummeliibacillus pycnus*, *Bacillus cereus*, *Bacillus pumilus* e *Staphylococcus wanei*. Boa parte destas espécies são nativas da microbiota intestinal suína como espécies simbióticas, oportunistas ou comensais. O perfil observado da microbiota suína não permitiu a avaliar o efeito dos prebióticos sobre a sua composição,

Apesar dos dados obtidos pelas análises, não foi possível realizar a identificação detalhada da microbiota suína gastrointestinal, evidenciado pelo baixo número de espécies gram-negativas encontradas. Um novo cultivo de amostras fecais suínas seguido de culturomica será realizado com a utilização de um meio de cultura diferente para a obtenção de novos resultados.

Palavras-chave: Microbiota, Suínos, Antibióticos, Prébióticos, Bactérias

Agência de fomento: CAPES - PROAP

BIOPROSPECÇÃO DE BACTÉRIAS DO SOLO COM POTENCIAL DE CONTROLAR O CRESCIMENTO MICELIAL DE *Macrophomina phaseolina*.

João Antonio da Silva¹, Luana Karolyne Salomão de Almeida², Bruna Marcela de Lima², Emanuele Julio Galvão de França², Luis Eduardo Azevedo Marques Lescano¹

(luislescano@uenp.edu.br)

1 – Universidade Estadual do Norte do Paraná, Campus Luiz Meneghel, Bandeirantes, Paraná

2 – Universidade Estadual do Norte do Paraná, Campus Cornélio Procópio, Cornélio Procópio, Paraná

Bactérias com potencial antagonista frequentemente são isoladas de amostras de solo e pesquisadas com objetivo de utilizá-las na agricultura para o controle de doenças causadas por fungos fitopatogênicos. Este trabalho teve o objetivo de avaliar a capacidade de 17 bactérias inibirem o crescimento do fungo fitopatogênico *Macrophomina phaseolina* pelo método de cultura dupla. Todas as bactérias foram isoladas de amostras de solo coletadas em cinco locais diferentes no município de Cornélio Procópio - PR. Em todos os locais de coleta do solo havia vegetação arbórea ou gramíneas. As bactérias foram ativadas em meio de cultivo LB por 24h e inoculadas em meio Ágar Nutriente (AN) para o crescimento a 28°C por 24 h. Para avaliar o potencial das bactérias inibirem o crescimento da *M. phaseolina*, amostras das bactérias crescidas no AN foram inoculadas em quatro pontos equidistantes da placa de Petri contendo meio de cultivo BDA e no centro da placa foi colocado um disco de ágar com micélio do fitopatógeno (cultura dupla). No centro das placas controle foi colocado apenas o disco contendo micélio do fungo. Os testes com as bactérias e o controle foram realizados em triplicada. As placas foram colocadas em BOD à 25°C e depois de quatro dias foi determinada a porcentagem de inibição do crescimento micelial do fitopatógeno. Todas as bactérias inibiram o crescimento da *M. phaseolina* e os valores de porcentagem de inibição do crescimento micelial variou entre 20,5% e 37,5%. Os isolados L44 (37,5%), L20 (36,4%), L45 (36,4%), L52 (35,2%), L22 (35,1%) e L47 (34,1%) foram as bactérias que apresentaram os maiores valores de inibição e se mostraram promissoras para realização de novos testes, por exemplo, avaliar a atividade antifúngica dos metabólitos presentes no sobrenadante livre de células obtidos do crescimento destas bactérias em meio de cultura líquido. As demais bactérias apresentaram menores valores de inibição (entre 31,7% e 20,5%) do crescimento de *M. phaseolina*, porém, os resultados de inibição indicam que estas produzem metabólitos que podem ser mais efetivos contra outros microrganismos fitopatogênicos. Estes primeiros resultados indicam o potencial antagonista de seis bactérias contra um importante fungo fitopatogênico e com novos testes espera-se selecionar isolados que tenham o potencial de ser utilizado com um biofungicida na agricultura.

Palavras-chave: controle biológico, antagonismo, agricultura

ASSOCIAÇÃO DE EXTRATOS VEGETAIS NO CONTROLE DA MASTITE BOVINA BACTERIANA EM PRODUÇÕES LEITEIRAS

Gabriel Michelutti do Nascimento¹, Romário Alves Rodrigues¹, Milena Souza Reis², Flávio Rubens Favaron¹, Marita Vedovelli Cardozo²

gabriel.michelutti@unesp.br

1 – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal – UNESP

2 – Universidade do Estado de Minas Gerais – UEMG – Unidade Passos

A mastite bovina é uma doença que acarreta grandes riscos associados à sanidade dos animais e à saúde pública, envolvendo agentes patogênicos que podem ser eliminados por meio do leite contaminado e, caso haja ingestão desse produto, o consumidor poderá desenvolver patologias. Entre os principais agentes infecciosos evidenciam-se microrganismos como *Staphylococcus* spp., *Streptococcus* spp. e também enterobactérias. A assepsia é de extrema importância durante o processo de ordenha para o controle dessa doença, pois o uso de produtos antissépticos é essencial para atenuar a concentração desses agentes presentes no teto do animal através dos processos de pré-*dipping* (anterior à ordenha) e pós-*dipping* (depois da ordenha), garantindo assim uma maior segurança e qualidade do leite produzido. No presente estudo realizaram-se etapas de amostragem e quantificação de dados, por meio de coletas utilizando *swab* estéril em tubo de ensaio com peptona bacteriológica em animais de bovinocultura leiteira, oriundos de propriedades rurais em Jaboticabal no estado de São Paulo, com a finalidade de avaliar a eficiência de um produto antisséptico natural, comparado com o produto comumente utilizado a base de iodo. Para isso, 320 animais foram divididos em dois grupos: grupo controle, com a aplicação de produto antisséptico à base de iodo e grupo tratamento, aplicando o produto antisséptico natural Profilacto a base de extratos de papaína, aloe vera, andiroba, alecrim, melaleuca e barbatimão da empresa Equine Basic. Após a coleta das amostras, realizou-se a contagem de unidades formadoras de colônia (UFC/cm²) para averiguação da concentração bacteriana de *Staphylococcus* spp., *Streptococcus* spp., leveduras totais e enterobactérias. O produto fitoterápico demonstrou um bom índice de redução no crescimento bacteriano total, sendo comparável com o produto controle e até mesmo superior em alguns casos, por exemplo na redução de *Streptococcus* spp, alcançando concentração bacteriana $\leq 1,0 \times 10^4$ UFC/cm² em 90% dos animais avaliados, comparado com 80% para o iodo. Mesmo com alternâncias relacionadas à redução dos grupos de microrganismos, o estudo evidenciou uma média final de redução total igual para os dois produtos avaliados, provando alta similaridade entre os produtos, reduzindo em grande número os grupos de microrganismos frequentemente associados nos casos de mastite bovina, agindo na prevenção da doença, garantindo a qualidade do leite e promovendo maior produção leiteira.

Palavras-chave: antimicrobianos; mastite; microrganismos; leite; bovinocultura.

Agência de fomento: CAPES

BENEFÍCIO NATURAL DE BACTÉRIAS EM ASSOCIAÇÃO ENDOFÍTICA COM CULTIVOS ORGÂNICOS

Aícha Daniela Ribas e Ribas¹, Letícia da Fontoura Xavier Costa¹, Marcia Eloisa da Silva¹, Akio S. Matsumura¹, Akira S. Matsumura¹, AidaTerezinha Santos Matsumura¹,

aicha.ribas@gmail.com

¹- ICB BIOAGRITEC LTDA

O fósforo (P) e o nitrogênio (N), apesar de presentes no solo, nem sempre estão disponíveis para assimilação, tornando-se fatores limitantes do crescimento das plantas. Bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCV) disponibilizam de forma natural estes elementos via diferentes mecanismos. Assim, o objetivo desse trabalho foi bioprospectar BPCV resultantes da associação endofítica com plantas de cultivo orgânico visando avaliar seu potencial para solubilizar fosfato (SF) e fixar nitrogênio (FN) em testes *in vitro* contribuindo para o incremento de novas formulações biológicas. Para tanto, foi realizada uma coleta de plantas de couve, arroz, melancia e tomate em propriedades rurais/RS. Plantas aleatórias de cada cultura foram segmentadas em raiz, caule e folhas, desinfestadas e 5 fragmentos de cada tecido foram semeados em triplicata no meio de cultivo LBA. Foi avaliado o índice de colonização IC = (fragmentos colonizados x 100) / fragmentos não colonizados). O potencial para SF e FN foi avaliado pelo cultivo em placas, das colônias bacterianas isoladas, com meio NBRIP e em tubos de ensaio com meio semi-sólido NFB, respectivamente. Sendo o Índice de Solubilização (IS) a razão entre diâmetro do halo e diâmetro da colônia, o resultado foi interpretado como: baixa solubilização IS < 2; média solubilização IS ≥ 2 a < 4 e alta solubilização IS ≥ 4. A FN foi avaliada pela observação de uma película formada sob o meio de cultivo logo abaixo da borda do tubo de ensaio. Quanto aos resultados foram recuperadas colônias bacterianas endofíticas em todos os tecidos de todas as culturas avaliadas, totalizando 283 isolados. De um modo geral, a colonização apresentou um crescimento gradual a partir das raízes (79,25%), caules(62%) e folha (47,25%). Considerando apenas a raiz, o arroz teve o IC de (85%). Com relação a SF se destacou o arroz com (17%), seguido pela melancia (13%), couve (9%) e tomate (6%). Tratando-se do índice de solubilização individual das colonias bacterianas de cada cultura, podemos inferir que a melancia apresentou os melhores resultados. Apesar de haver um maior número de colonias bacterianas solubilizadoras de fosfato, poucas foram as que realmente demonstraram um alto potencial de SF. De 100% das mostras analisadas 16% foram positivas para SF e apenas 3% para FN. Estes dados revelam a importância da seleção criteriosa de cepas às diferentes habilidades naturais. Observando-se além da especificidade e do potencial de adaptação, principalmente a eficiência, tendo em vista a sua aplicabilidade para novas formulações.

(Solubilização de Fosfato, Fixação de Nitrogênio, BPCV, Bioformulações, Bioprospecção)

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Molecular characterization of *Enterococcus hirae* strains isolated from wild birds kept in captivity in Rio de Janeiro, Brazil

Andréa de Andrade Rangel Freitas¹, Aline Eugenia de Souza^{1,2}, Maria Fernanda Cursino Amaral dos Santos^{1,3}, Pedro do Amaral Bernardes^{1,3}, Lúcia Martins Teixeira¹

¹Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ).

²Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ).

³Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio de Janeiro (IFRJ).

E-mail: andreaarfreitas@hotmail.com

Enterococcus hirae is found in many animal hosts, but appears to be rare in humans. *E. hirae* has been associated with pathological conditions in avian species, particularly in poultry environments and psittacine birds. Our purpose was to characterize 88 *E. hirae* strains isolated from wild birds belonging to Accipitridae (8 strains), Cathartidae (7), Falconidae (8), Psittacidae (57), and Strigidae (8), by using phenotypic and genotypic methods. Cloacal swabs were collected from birds kept in captivity at CETAS-RJ (54 strains), RIO-ZOO (22), and CRAS/UNESA (12) in 2010 and 2013. The strains were identified by amplification of the *sodA* gene, and screened for susceptibility to 18 antimicrobials by the disk-diffusion method. Genes associated with virulence (*asa1*, *cylA*, *esp*, *efaA*, *gelE* and *hyl*) of enterococci were investigated by PCR in all 88 strains. Antimicrobial resistance genes were tested by PCR in *E. hirae* strains which showed resistance or reduced susceptibility to antimicrobials. The genetic diversity of 78 strains was evaluated by Pulsed-Field Gel Electrophoresis (PFGE) analysis. High percentages of resistance were observed for enrofloxacin (68.2% of strains), nitrofurantoin (60.2%), and rifampin (47.7%). Intermediate levels of resistance were identified for penicilin (11.4%), fosfomicin (13.6%), ciprofloxacin (21.6%), quinupristin-dalfopristin (28.4%). Conversely, lower percentages (between 1% and 8% of strains) were observed for chloramphenicol, levofloxacin, streptomycin, and tetracycline. The following antimicrobial resistance genes were detected by PCR: *erm(A)* and *mefA/E* for erythromycin; *tet(M)* and *tet(L)* to tetracycline and *vat(D)* for quinupristin/dalfopristin. The genes associated with virulence *gelE* (1.1%) and *efaA* (12.5%) were detected only among non-Psittacidae birds. PFGE showed a diverse genetic background and the occurrence of nine indistinguishable profiles (IP). Of these, seven were composed of strains isolated of Psittacidae kept in captivity at CETAS-RJ (3 IP), RIO-ZOO (2), and both institutions (2). Another two IP were shared among Falconidae and Cathartidae birds from CETAS-RJ, and among Strigidae and Cathartidae from CRAS/UNESA. Our results reveal the ability of *E. hirae* to spread and to carry antimicrobial resistance and virulence markers. In recent decades, members of the genus *Enterococcus* have emerged as important nosocomial pathogens, thus emphasizing the continued need for surveillance studies of this bacterial genus.

Key words: Wild birds, *Enterococcus hirae*, antimicrobial resistance, virulence, PFGE.

Development Agency: CAPES, CNPq, FAPERJ, INPRA.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Imobilização das células de *Trichoderma spp.* em alginato de cálcio e avaliação da viabilidade em diferentes condições de armazenamento.

Maria Clariana da Silva¹, Clara Beatriz Ataíde¹, Valéria Dantas da Silva¹, Arthur Costa Pereira Santiago de Almeida¹, Paula Cibelly Vilela da Silva¹, Tania Marta Carvalho dos Santos¹

maria.clariana@ceca.ufal.br

1 – Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas.

A imobilização celular representa uma alternativa para a condução de bioprocessos, as células ficam retidas em matrizes e podem ser utilizadas por longos períodos. Neste estudo objetivou-se promover a imobilização de células de isolados de *Trichoderma* em alginato de cálcio, avaliar a viabilidade e segurança dos fungos e determinar a temperatura ideal para armazenar os fungos imobilizados. Para produção dos grânulos foram utilizados amido e alginato de sódio, que juntamente com cada isolado foi gotejado em solução de cloreto de cálcio. Para avaliar a viabilidade dos fungos encapsulados e a melhor condição de armazenamento, foram realizados testes com os grânulos armazenados nas temperaturas ambiente, geladeira e freezer. Foram realizados plaqueamentos em cultura BDA (Batata Dextrose Ágar) aos 7, 14 e 21 dias de incubação e o diâmetro das colônias foram medidos sendo utilizado como controle a cultura sem imobilização. Foi possível observar que todos os isolados apresentaram crescimento. A imobilização com alginato de cálcio é viável para os isolados de *Trichoderma spp.*, todos os isolados apresentaram crescimento satisfatório.

Palavras-chave: Biossolubilização biofertilizantes, micro-organismos promotores

EFEITO BIOPROTETOR DE *Lacticaseibacillus rhamnosus* LB1.5 E APLICAÇÃO EM PRODUTO LÁTICO

Nathasha Noronha Arechavaleta¹, Andréia Monique Lermen¹, Amanda de Souza da Motta¹

nathasha.noronha@ufrgs.br

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

As bactérias lácticas são microrganismos que têm diversas aplicações na indústria de alimentos, tendo em vista o seu potencial tecnológico e o incremento das características sensoriais dos produtos, além de atuarem como culturas starters ou probióticas. A incorporação de probióticos vem sendo realizada em vários produtos, uma vez que microrganismos benéficos associados a uma nutrição adequada, podem conferir eficiência biológica aos sistemas imunológico e digestório. Este estudo objetivou prospectar a aplicação de isolado *Lacticaseibacillus rhamnosus* LB1.5 em sorvete, visando o desenvolvimento de produto funcional, bem como avaliar a viabilidade da cultura bacteriana em forma livre e microencapsulada (alginato de sódio 2 %) em sorvete de leite de búfala, armazenada a -18 °C e avaliada durante 60 dias, a cada 10 dias. A atividade antimicrobiana do isolado frente a cepas indicadoras patogênicas (*Escherichia coli* ATCC 10536, *Listeria monocytogenes* ATCC 7644, *Salmonella Enteritidis* ATCC 13076, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 e *Corynebacterium fimi* NCTC 7547) foi avaliada pelos métodos de estria e do líquido difuso. Também, foram avaliadas a capacidade de acidificação do produto, capacidade de coexistência com culturas comerciais (*L. paracasei* LF e fermento Biorich) e produção de exopolissacarídeos (EPS). Os resultados do estudo demonstraram viabilidade do isolado em forma livre com concentração média superior a 10⁷ UFC/mL. Entretanto, a liberação da cultura probiótica microencapsulada apresentou contagem de células viáveis entre 10⁴ e 10⁵ UFC/mL. No método de estria radial, foi observada a atividade antimicrobiana frente as cinco cepas indicadoras testadas. No entanto, no método do líquido difuso, *L. rhamnosus* LB1.5 apresentou halo de inibição de crescimento para *L. monocytogenes* ATCC 7644 e *C. fimi* NCTC 7547, com efeito bacteriostático evidenciado. Foi comprovada a possibilidade de associação do isolado com culturas comerciais, capacidade de acidificação e produção de EPS. O sorvete de leite de búfala desenvolvido nesta pesquisa, demonstrou ser um produto viável para adição de microrganismo probiótico, mantendo suas propriedades tecnológicas nas condições experimentais apresentadas. Porém, estudos quanto a análise sensorial deste sorvete devem ser desenvolvidos, de modo a avaliar a aceitabilidade do produto.

COMPORTAMENTO DE *Erwinia psidii* EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE pH

Giovanna Cerbaro Shuh¹, Paulo Roberto Dall_Cortivo¹, Thainá Fogliatto Moreira¹, Roberto Lanna Filho¹, Talyta Galafassi Zarpelon², Edival Ângelo Valverde Zauza², Reginaldo Gonçalves Mafia²

(giocerbaro@hotmail.com)

1 – Laboratório de Bacteriologia Vegetal e Biocontrole, Departamento de Fitossanidade – Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

2 – Sanidade e Proteção Florestal - Suzano Papel e Celulose.

Erwinia psidii é uma importante fitobactéria necrogênica capaz de causar seca-de-ponteiros em árvores de eucalipto, uma doença emergente no Brasil. Estudos com *E. psidii* têm se concentrado apenas na investigação etiológica e da diversidade genética. Notadamente, compreender o papel das condições externas que influenciam a atividade da fitobactéria é condição essencial para elencar futuras estratégias de manejo. Assim, elucidar a influência do pH sobre a atividade de crescimento dessa fitobactéria pode direcionar o uso de estratégias de manejo que previnam, reduzam ou eliminem a causa da doença em condições de viveiro ou floresta plantada. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi determinar a taxa de crescimento da *E. psidii* sob diferentes faixas de pH. Para observar a taxa de crescimento bacteriano em diferentes faixas de pH, o meio 523 teve o pH ajustado em nove faixas de pH, compreendendo os valores entre 3,0 e 11,0 pela adição de 1 molar de NaOH ou HCl. No meio líquido (100 mL) foram adicionados 10 mL de suspensão de células viáveis de *E. psidii* CR01 ($1,0 \times 10^8$ UFC/mL) previamente cultivada em meio 523 durante 18 h a 28°C. A fitobactéria em meio líquido foi mantida a 28°C em incubadora com agitação a 150 rpm, em microaerofilia. A taxa de crescimento bacteriano foi mensurada (DO = 600 nm) em intervalos de 1 h. Todos os experimentos foram realizados em triplicata. A *E. psidii* foi capaz de crescer dentro da faixa de pH 5,0 a 10,0. Nos pHs 3,0, 4,0 e 11,0 a bactéria não cresceu, pois manteve igual concentração celular em todos os intervalos de amostragem. A bactéria apresentou o melhor desenvolvimento em pH 7,0, significativamente diferente ($p < 0,05$) dos crescimentos em outras faixas de pH. A análise do conjunto de dados de crescimento revelou que a *E. psidii* teve um rápido crescimento entre os pH 5,0 e 6,0, atingindo um ótimo em pH 7,0. A taxa de crescimento foi impactada negativamente sob condições alcalinas entre pH 8,0 a 10,0, que retardaram significativamente o crescimento bacteriano ($p < 0,05$). Estes resultados podem contribuir para melhor entender a epidemiologia de *E. psidii* contribuindo para a redução ou eliminação dos impactos negativos causados pela seca-de-ponteiros na produção de eucalipto.

Palavras-chave: Crescimento microbiano, fitossanidade, doença do eucalipto.

POTENCIAL DE EXTRATOS DA PRÓPOLIS DAS ABELHAS AFRICANA E MANDAÇAIA NO CONTROLE IN VITRO DE *Monilinia fructicola*

Vanucci Marcos Santi¹; Marcia Redecker¹; Jonathan Eduardo Giehl Mueller¹; Aquidauana Miqueloto Zanardi¹; Caliandra Bernardi²; Maristela dos Santos Rey²; Keli Cristina Fabiane¹

vanuccisanti6@gmail.com

1 – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Santa Catarina

2 – Universidade Tecnológica Federal do Paraná

A podridão parda é a principal doença do pessegueiro, sendo causada pelo fungo *Monilinia fructicola*. O controle desse patógeno é dado principalmente pelo uso de fungicidas, que diante dos danos que podem vir a gerar, têm estimulado a busca por novos compostos alternativos, como a própolis. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi avaliar o potencial de extratos da própolis das abelhas *Apis mellifera* e *Melipona mandacaia* no controle *in vitro* de *M. fructicola*. O isolamento do fungo foi realizado por método direto, e a confirmação da espécie se deu por análise filogenética por agrupamento com isolados referência de *M. fructicola*. O inóculo para realização das análises foi padronizado conforme escala de McFarland. Os extratos testados foram, extrato aquoso de própolis de *M. mandacaia* (EAPM), aquoso de própolis de *A. mellifera* (EAPA), etanólico de própolis de *M. mandacaia* (EPPM), etanólico de própolis de *A. mellifera* (EPPA), e duas formulações hidroalcoólicas comerciais de própolis de *A. mellifera* (ECP1 e ECP2, respectivamente). A avaliação da concentração inibitória mínima (CIM ou MIC) foi realizada em microplacas de 96 poços, observando a presença de células vivas, indicadas pela reação da resazurina. A concentração fungicida mínima (CFM), foi obtida por meio do Spot Test, a partir da observação do crescimento microbiano. A atividade antifúngica dos extratos de própolis foi avaliada com o método disco-difusão, avaliando-se a inibição do crescimento micelial do fungo. O EAPM, EAPA, EPPM, EPPA, ECP1, ECP2 afetaram o desenvolvimento do fitopatógeno, apresentando CIM de 10%, 10%, 10%, 0,625%, 1,375% e 0,235%, respectivamente. O ECP1 e ECP2 apresentaram CFM de 11% e 1,875%, respectivamente. Os extratos aquosos e o ECP1 não apresentaram efeito antifúngico quando avaliados por disco-difusão, enquanto EPPA, EPPM e ECP2 demonstraram efeito fungistático. O ECP2, na sua forma não diluída (30%) pode ser usado para controle *in vitro*. No entanto, há necessidade de testar concentrações mais elevadas dos extratos e de testes *in vivo* para avançar nos trabalhos do uso de própolis no controle do *M. fructicola*.

Palavras-chave: *Melipona mandacaia*; *Apis mellifera*; Podridão parda; Compostos alternativos.

Agência de fomento: IFSC

EFEITO DO MÉTODO DE PRESERVAÇÃO DE AMOSTRAS NA DIAGNOSE DO RAQUITISMO DA SOQUEIRA

A.C.MEDEIROS¹, A.S.URASHIMA¹.

E-mail: acmedeiros@estudante.ufscar.br

1 – Universidade Federal de São Carlos, LAGEM / DBPVA / CCA / UFSCAR, C.P 153, 13600-970, Araras-SP.

O Raquitismo-da-Soqueira (*Leifsonia xyli* subsp. *xyli* – Lxx) é uma das mais importantes doenças da cana-de-açúcar e sua disseminação para novos campos ocorre apenas pelo plantio de mudas contaminadas. No entanto, por não apresentar sintomas característicos na lavoura, sua correta identificação somente é possível por meio de exames diagnósticos em laboratório, molecular (PCR) ou sorológico.

Emprega-se o exame diagnóstico sorológico quando o método de propagação é o convencional, formação de viveiros a partir de toletes de cana-de-açúcar. A técnica molecular PCR é aplicada para plantas matrizes que darão origem a mudas pré-brotadas (MPB) para assegurar o seu elevado padrão de fitossanidade.

Sendo o Laboratório de Genética Molecular da UFSCar um dos locais que realizam exames diagnósticos, este recebe material proveniente de usinas localizadas em diferentes estados do país, que podem permanecer longos períodos de tempo em transporte em diferentes condições de preservação.

Posto isso, não se conhece o efeito do intervalo entre o envio e a chegada das amostras ao laboratório em sua qualidade para extração do DNA. Portanto, o objetivo do presente trabalho foi examinar o efeito de diferentes condições de preservação desse material em exame diagnóstico.

O elemento para estudo foi obtido a partir de um campo experimental, no qual foram selecionadas seis soqueiras doentes diagnosticadas por PCR, representando cada repetição. Os tratamentos aplicados foram (a) preservação em temperatura de 25°C; (b) 4°C; (c) -20°C.

O processo de avaliação foi a partir da extração do DNA das amostras realizadas aos 0,3,6,9,15 e 25 dias, sendo o PCR com “primers” específicos CxxITSf#5 e CxxITSr#5 a técnica utilizada conforme metodologia empregada pelo laboratório.

Dados do presente estudo mostraram que materiais preservados a -20°C apresentam melhores resultados que os demais na diagnose do raquitismo-da-soqueira, sendo o único tratamento onde o fragmento identificador (305 pb) foi observado em todos os períodos.

Palavras-chave: *Leifsonia xyli* subsp. *xyli*; cana-de-açúcar; diagnósticos; fitossanidade; preservação.

Agência de fomento: FAI- UFSCar

Sobrevivência de *Erwinia psidii* em filoplano de capim-braquiária (*Brachiaria decumbens*)

Paulo Roberto Dall Cortivo¹, Thainá Fogliatto Moreira¹, Giovanna Cerbaro¹, Roberto Lanna Filho¹, Talyta Galafassi Zarpelon², Edival Ângelo Valverde Zauza², Reginaldo Gonçalves Mafia²

(paulodallcortivo@gmail.com)

1 – Laboratório de Bacteriologia Vegetal e Biocontrole, Departamento de Fitossanidade – Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

2 – Sanidade e Proteção Florestal- Suzano Papel e Celulose.

Erwinia psidii é uma fitobactéria necrogênica capaz de causar a seca-de-ponteiros em eucalipto sob condições de viveiro ou floresta plantada. Embora a fitobactéria possa causar prejuízos estimados em até 30%, a investigação sobre a sobrevivência do patógeno bacteriano em filoplano de plantas daninhas ainda é desconhecido. Plantas daninhas pode ser um reservatório importante para a fitobactéria, servido como fonte de inóculo primário às infecções em floresta plantada. Neste sentido, o presente estudo teve o objetivo de avaliar a sobrevivência da *E. psidii* sobre o filoplano de capim-braquiária (*Brachiaria decumbens*), o qual é uma planta daninha comum em florestas de eucalipto. Uma suspensão de células ($\approx 10^8$ UFC/mL) de *E. psidii* CR01R (resistente à rifampicina) foi pulverizada sobre plantas de capim-braquiária, até o ponto de escorrimento. As plantas foram mantidas sob casa-de-vegetação em condições de temperatura ambiente (variando entre 17 a 26 °C). Para estimar a população bacteriana no filoplano, uma amostra de 0,5 grama de folhas foi imersa em 10 mL de PBS (0.1 M; pH 7,0) e submetida ao ultrassom por 1 minuto. Após, o extrato foi diluído (fator = 1:10⁶) e espalhado (0,1 mL) sobre meio 523, suplementado com rifampicina (50 µg/mL) em placas de Petri em triplicatas. As placas foram incubadas a 28 °C por 24-48 h e, quando do surgimento das colônias, foi realizada a contagem da população bacteriana. Na primeira amostragem, 3 horas após a pulverização (após a superfície foliar estar seca), a contagem da população bacteriana esteve entre 10⁵ e 10⁶ UFC/g de folha. Na segunda amostragem, após 7 dias da inoculação, a população bacteriana estava entre 10¹ e 10² UFC/g de folha. O que mostrou um declínio populacional acentuado, em relação à primeira amostragem. A partir da terceira amostragem (14 dias após a inoculação), a presença da *E. psidii* não foi mais detectada sobre o filoplano da daninha. Isto demonstra que a fitobactéria foi capaz de persistir sobre a superfície do capim-braquiária por um período de 14 dias. Este resultado demonstra que o capim-braquiária não fornece um bom abrigo para o estabelecimento e sobrevivência da fitobactéria em filoplano.

Palavras-chave: Fitossanidade, Planta Daninha, Doença do Eucalipto.

ISOLAMENTO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DE VARIEDADES DE ALGODOEIRO

Luana P. P. Körber¹, Enilson L. S. de Sá¹

korber.luana@gmail.com

¹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

As interações mutualísticas entre plantas e microrganismos podem ser muito importantes na produção agrícola, como no caso da bem conhecida simbiose entre soja e *Bradyrhizobium*. No entanto, interações entre bactérias endofíticas e plantas não leguminosas são ainda pouco conhecidas. O objetivo deste trabalho foi realizar o isolamento e um estudo prévio de bactérias endofíticas em variedades de algodoeiro. Este trabalho foi conduzido em Sapezal – MT em áreas de cultivo de algodão sendo as variedades selecionadas TMG47B2RF, TMG44B2RF e FM986GLTP. Para cada uma foram determinados oito pontos de amostragem, os quais foram georreferenciados e coletadas cinco plantas perfazendo uma amostra composta por local, sendo obtidas 24 amostras compostas. A coleta foi realizada de 25 a 35 dias após a emergência das plantas (DAE). Após, foi realizado o corte e separação das raízes e da parte aérea das plantas e armazenados. Em seguida foi feita a desinfestação das raízes utilizando protocolo de Hungria (1994) adaptado e a maceração das raízes. O macerado foi inoculado por esgotamento em estrias em placas com meios de cultura específicos para diferentes grupos bacterianos sendo NFb para bactérias fixadoras de nitrogênio, meio King B para *Pseudomonas*, meio LMA para rizóbios e meio Embrapa, após choque térmico, para bacilos esporulantes. Após o cultivo, foi realizada a caracterização da morfologia colonial e, em seguida, a quantificação de isolados por variedade de algodão e por meio de cultura. Foram obtidas 417 colônias de bactérias endofíticas nas três variedades de algodão com predominância de *Pseudomonas* (186), seguido por rizóbios (118), bactérias fixadoras (71) e bacilos esporulantes (42). Observou-se que o maior número de isolados de bactérias endofíticas foi obtido em algodoeiro da variedade TMG47B2RF (159), seguido pela FM985GLTP (135) e da TMG44B2RF (123), sendo que as coletas foram realizadas, respectivamente, com 31, 26 e 35 dias após emergência (DAE). As raízes da TMG44B2RF se apresentaram mais lenhosas do que as outras, o que pode ter comprometido o processo de maceração e extração dos isolados endofíticos. Os resultados mostram que existem grupos bacterianos endofíticos em algodoeiro com potencial para atuar como BPCP em plantas não leguminosas.

Palavras-chave: Algodão; caracterização morfológica; isolamento.

USO PROFILÁTICO DE BACTERÍOFAGOS LÍTICOS NATIVOS NA REDUÇÃO DA COLONIZAÇÃO DE FRANGOS POR *SALMONELLA* HEIDELBERG

Clarissa Silveira Luiz Vaz¹, Francisco Noé da Fonseca¹, Marcos Antônio Zanella Morés¹, Arlei Coldebella¹

clarissa.vaz@embrapa.br

1 - Embrapa Suínos e Aves (Concórdia, SC)

Micro-organismos nativos são potenciais insumos para desenvolvimento de produtos biológicos para a saúde animal, cujas aplicações incluem o controle de salmoneloses aviárias. Anteriormente identificamos ação *in vitro* de três bacteriófagos líticos nativos sobre cepas de campo de *S. Heidelberg*. Aqui, testamos o efeito do uso contínuo desses fagos na colonização de frangos por *S. Heidelberg* ao longo de 18 dias. Pintos de 1 dia livres de patógenos específicos foram alojados em cabines isoladoras. O grupo tratado recebeu continuamente $1,6 \times 10^8$ UFP/mL de cada fago na água de beber durante todo o experimento. Com exceção do controle negativo (n=50), as aves dos grupos tratado (n=50) e controle não tratado (n=50) foram individualmente inoculadas pela via oral, aos 5 dias de idade, com $8,6 \times 10^6$ UFC de *S. Heidelberg*. Aos 9, 12, 15 e 18 dias de idade foram colhidos de cada grupo fígado, baço e tonsilas para isolamento de *S. Heidelberg*; conteúdo cecal para quantificação de *S. Heidelberg* e fagos; e fragmentos de papo, pró-ventrículo, moela, fígado, rim e duodeno para análise histopatológica. Dados quantitativos foram comparados pelo teste de Kruskal-Wallis, e a frequência de *S. Heidelberg* entre grupos foi analisada pelo teste exato de Fisher. Ração e tecidos colhidos no início do experimento e as amostras colhidas do controle negativo em cada intervalo regular foram negativas para *Salmonella* spp. e fagos. Não houve sinais de inapetência, nem alterações macro e microscópicas de importância diagnóstica durante o tratamento, sugerindo ausência de efeitos adversos nas aves pela fagoterapia. O título médio de fagos permaneceu estável na água fornecida ao grupo tratado durante todo o estudo ($8,65 \pm 0,11 \log_{10}$ UFP/mL), sendo detectada a média de $6,24 \pm 0,17 \log_{10}$ UFP/g e $6,73 \pm 0,12 \log_{10}$ UFP/g no conteúdo cecal aos 9 e 18 dias, respectivamente, sem diferença significativa entre as colheitas ($p > 0,05$). O grupo tratado apresentou menor frequência de *S. Heidelberg* no baço aos 9 dias do que aos 18 dias ($p < 0,05$), e não houve diferença significativa na quantificação de *S. Heidelberg* no conteúdo cecal do grupo tratado e do controle ao longo do estudo. Notadamente, 51,2% das colônias de *S. Heidelberg* reisoladas dos tecidos foram resistentes ou com reduzida sensibilidade *in vitro* aos fagos. Isso sugere que a fagoterapia prolongada pode induzir populações bacterianas resistentes e interferir no efeito esperado, sendo necessários estudos de aplicação desses fagos por menor período.

Palavras-chave: Salmonelose, frango de corte, controle biológico, fagoterapia

Agência de fomento: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa)

AVALIAÇÃO DA NATAMICINA EM UM MODELO EXPERIMENTAL *EX VIVO* DE CERATITE FÚNGICA EQUINA

Maíra H.Pacheco¹, Luana C. G. Bazana¹, Anderson R. Carvalho¹, João A. T. Pigatto², Alexandre M. Fuentefria¹

mairahaase@gmail.com

¹Laboratório de Micologia Aplicada da UFRGS, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

² Faculdade de Veterinária da UFRGS, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brazil.

A ceratite fúngica é uma afecção oftalmológica grave com prognóstico ruim em humanos e equinos. Os sinais clínicos, agentes etiológicos e tratamento são semelhantes nessas espécies. Estudos *ex vivo* propiciam resultados mais comparáveis aos *in vivo*, sendo uma etapa importante para avaliação de atividade antifúngica. Apesar do assentido uso da natamicina, faz-se necessário mais estudos sobre a eficácia deste fármaco. O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficácia da natamicina em um modelo *ex vivo* de ceratite fúngica equina. Bulbos oculares de equinos hígidos, abatidos por razões não relacionadas ao estudo, foram examinados, coletados e acondicionados a -20°C. Após a desinfecção com iodopovidona 10%, foram realizadas incisões na córnea e confeccionados os botões córneo-esclerais (BCE). Os BCE foram preenchidos com ágar afim de manter sua estrutura. Com a córnea voltada pra cima, foi instilada, em triplicata, uma alíquota de 40µL da suspensão de inóculo 10⁶UFC.mL⁻¹ de *Fusarium solani*, *Candida albicans*, *Candida glabrata*, *Candida parapsilosis*, *Candida tropicalis* e água estéril para controle negativo (n=60). Os BCE foram mantidos em câmara úmida, em um meio de cultivo celular e incubados a 35±2°C por até 48 horas. O tratamento foi realizado com colírio de natamicina 5% (100µL/8h/24h), iniciado após 24h de inoculação. Os grupos de crescimento em 24 horas e em 48 horas, o tratamento e o controle negativo, de cada cepa, foram avaliados por macroscopia das córneas e contagem de UFC.mL⁻¹. As médias de crescimento fúngico de cada grupo foram: FS24h=5,16Log; FS48h=6,27Log; FSnata=3,86Log; CA24h=10,63Log, CA48h=10,85Log, CAnata=6,31Log, CG24h=10Log, CG48h=10Log, CGnata=6Log, CP24h=10,37Log, CP48h=10,78Log, CPnata=6Log, CT24h=10,82Log; CT48h=11,33Log, CTnata=5,6Log, controles negativos (0 UFC). A média de redução de crescimento de UFC.mL⁻¹ com o uso da natamicina foram: CA= 4,54Log, CG=Log 6,39, CP=4,25Log, CT=5,73Log e FS=2,41Log. A metodologia proposta se mostrou útil como um modelo de infecção e tratamento de infecções fúngicas importantes. Além disso, a ausência de crescimento no controle negativo confirma como uma proposta interessante para a testagem de colírios. A considerável inibição de crescimento fúngico das amostras tratadas com natamicina, demonstrou uma satisfatória ação antifúngica para este fármaco. A natamicina mostrou ter um eficiente desempenho para a terapia de ceratite fúngica em um modelo *ex vivo*.

Palavras-chave: fungo, cegueira, oculomicrose, leveduras, filamentosos

POTENCIAL ANTIMICROBIANO DO ÓLEO ESSENCIAL DE ORÉGANO FRENTE À ISOLADOS PATOGÊNICOS DE ALIMENTOS

Vitória Leite Di Domenico¹, Amanda de Souza da Motta¹

(vitoria.domenico@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente (PPGMAA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS

O uso de compostos antimicrobianos naturais tem se intensificado com o propósito de serem aplicados na indústria de alimentos para conservação. O objetivo deste estudo foi avaliar o potencial antimicrobiano do óleo essencial de orégano frente a quatro cepas de bactérias indicadoras ATCC (American Type Culture Collection): *Escherichia coli* ATCC 10536, *Listeria monocytogenes* ATCC 7644, *Salmonella* Enteritidis ATCC 13076 e *Staphylococcus aureus* ATCC 25923; e seis microrganismos patogênicos previamente isolados de amostras de queijo colonial comercializados no Rio Grande do Sul: *Citrobacter freundii* F30, *Enterobacter aerogenes* B01, *Listeria innocua* C08, *Proteus hauseri* BJX, *Proteus vulgaris* C30 e *Staphylococcus sciuri* A0902. Para todos os microrganismos foram preparadas suspensões bacterianas em 10^6 UFC/mL e 10^8 UFC/mL, que com o auxílio de suabe estéril, foram semeadas em placas de ágar Müller-Hinton. O potencial antimicrobiano do óleo essencial de orégano foi testado através do método de difusão de gota, pipetando nas placas uma alíquota de 20 μ L das diluições de 50%, 25%, 12,5%, 6,25%, 3,12%, 1,56% e 0,78% diluído em Tween 80. A leitura das placas foi realizada após 24 e 48 horas de incubação à 37°C, através da medição dos halos de inibição de crescimento bacteriano, expressos em milímetros (mm). Verificou-se que o óleo essencial de orégano, na concentração de 50%, apresentou atividade antimicrobiana com halos de $20 \pm 6,18$ mm frente a todos os microrganismos testados na 10^6 UFC/mL. Quando os isolados estavam em 10^8 UFC/mL, halos de inibição de $15 \pm 6,82$ mm foram observados. Já na concentração de 25%, o óleo essencial de orégano ainda apresentou atividade antimicrobiana com halos de $13 \pm 4,33$ mm frente a todos os microrganismos na 10^6 UFC/mL, bem como para 10^8 UFC/mL com halos de $11 \pm 2,51$ mm; exceto para o *C. freundii* F30 que não teve o crescimento inibido. Na concentração de 12,5% houve inibição de crescimento com halos $12 \pm 1,41$ mm, apenas frente a *E. aerogenes* e *S. sciuri* em 10^6 UFC/mL. Em concentrações abaixo de 6,25% nenhuma inibição de crescimento bacteriano foi observada. Os resultados obtidos demonstraram que o óleo essencial de orégano apresenta potencial antimicrobiano frente a isolados patogênicos de alimentos mesmo quando estes se apresentam em elevadas concentrações bacterianas, como em 10^8 UFC/mL, indicando uma possível aplicabilidade na indústria de alimentos.

Palavras-chave: microrganismos patogênicos; alimentos; inibição de crescimento.

Agência de fomento: CNPq

Virulence Gene Analysis of APEC from Poultry in Georgia, USA

Julia Ienes-Lima¹, Nicolle L. Barbieri¹, Meaghan M. Young¹, Yu-Yang Tsai¹, Breck N. Peterson¹, and Catherine M. Logue¹

Contact: julia.ienes@uga.edu

1 – Poultry Diagnostic and Research Center, College of Veterinary Medicine, University of Georgia, Athens, GA.

Avian pathogenic *Escherichia coli* (APEC) is one of the most common bacterial pathogens of poultry and causes the disease colibacillosis, leading to morbidity and mortality in avian species. Currently, APEC is considered a significant threat to global poultry production and food security. The aim of this study was to examine the frequency of nine virulence genes in a collection of APEC isolates from production birds of Georgia, and to verify if the prevalence of genes could be related to the type of production, or age of the birds. Here we analyzed 489 isolates, of which 329 were from birds with colibacillosis lesions, and 160 isolates were from chickens without lesions, classified as quality control. The age of the chickens varied between 1 day and 36 months. Through multiplex PCR the following genes were analyzed: *cva*, *iroN*, *ompT*, *hlyF*, *etsB*, *iss*, *aerJ*, *ireA*, and *papC*. Three hundred and twenty-nine (67,3%) isolates were positive for 3 or more genes (high pathogenesis), of which 218 isolates were from the birds with lesions, and 111 isolates were from the quality control group. Meanwhile, 137 (28%) of the isolates were negative for all virulence genes. The genes most prevalent in both groups were *hlyF* (68,1%), *ompT* (67,9%), *iss* (66,5%), and *iroN* (64,2%), which encode virulence factors such as toxins, protectins (*ompT* and *iss*), and iron acquisition systems, respectively. There was a significant relationship between type of production and having 3 or more virulence genes. Isolates from broiler breeder pullet/cockerel have 2.25 greater odds of high pathogenesis than isolates from another type of production, i.e., commercial layer and pet/hobby bird. However, there was no significant statistical relationship between high pathogenesis and age of the birds, although the mean age in high pathogenic isolates was lower than the age of those isolates with less than 3 virulence genes. Our study shows that even those samples without colibacillosis lesions could be hosts of APEC. In addition, our results confirm the importance of periodic analyses of virulence genes in all avian production chain birds to determine potential risks and sources.

Keywords: *E.coli*; APEC; virulence; pathogenesis; avian pathogenic *Escherichia coli*

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

ANTAGONISTIC ACTIVITY OF *Lactobacillus curvatus* P99 AGAINST *Listeria monocytogenes* ISOLATES

Giovana Wink Faleiro¹, Laís Abreu Anastácio¹, Isabela Schneid Kroning¹, Diego Peres Ávila¹, Tassiana Ramires¹, Ângela Maria Fiorentini¹, Graciela Vöiz Lopes¹, Wladimir Padilha da Silva¹

giovana.wink@gmail.com

1 – Universidade Federal de Pelotas

Listeria monocytogenes is an important foodborne pathogen, found in many environments as soil, water and food products. This microorganism can cause listeriosis, an infection that mainly affects immunocompromised people, whose main symptoms are sepsis, meningitis and meningoencephalitis. Listeriosis is a serious public concern, often associated with consumption of food of animal origin. The microorganism has the ability to grow in a wide range of temperature and pH, being able to survive and resist several unfavorable conditions. In many recent studies, the use of lactic acid bacteria (LAB) has been evaluated as a potential inhibitor of pathogen growth. *Lactobacillus curvatus* can produce different antimicrobial metabolites and can be used to control *L. monocytogenes*. The aim of this study was to evaluate the antagonistic activity of *L. curvatus* P99 against *L. monocytogenes*. Twelve *L. monocytogenes* isolates from bovine carcasses and one *L. curvatus* isolate from sliced cooked ham were used. *Lactobacillus curvatus* P99 was incubated in Man Rogosa and Sharpe broth (MRS, Oxoid™) for 24 h at 37°C, in anaerobic conditions. After the incubation period, an aliquot of 2 µL was poured on Petri dishes containing MRS and the plates were incubated for 24 h at 37 °C, under anaerobic conditions. After 24 h, all plates were overlaid with 10 mL of semi-solid Brain Heart Infusion agar (BHI, KASVI®) with a cell concentration of 10⁸ CFU.mL⁻¹ of *L. monocytogenes*, and incubated for 24 h at 37 °C, under aerobic conditions. All *L. monocytogenes* isolates showed inhibition zones between 11.3 mm and 23.6 mm when tested against *L. curvatus* P99. According to the literature, a microorganism can be considered susceptible to LAB when the diameter of the growth inhibition zone is ≥ 2 mm. Therefore, the results indicate that *L. curvatus* P99 is able to produce inhibitory substances against *L. monocytogenes*. The same was observed in other studies in which different *L. curvatus* isolates exhibited inhibitory action against this pathogen. The results obtained showed that *L. curvatus* P99 has an inhibitory action against *L. monocytogenes*, which is an interesting result, showing that this isolate has potential to be applied in the food industry as a tool capable of preventing the growth of this important foodborne pathogen.

Palavras-chave: food safety; listeriosis; lactic acid bacteria.

Agência de fomento: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

UTILIZAÇÃO DA CARACTERÍSTICA NATURAL DE PRODUÇÃO DE MELANINA COMO INDICADOR DA PRESENÇA DE BACTÉRIAS (MEL+) EM INFECÇÕES ENDOFÍTICAS EM GRAMÍNEAS E LEGUMINOSAS.

Marcel Luiz Pabst¹, Enilson Luiz Saccol de Sá¹

(livrearte@gmail.com)

1 – UFRGS - Faculdade de Agronomia / Lab. de Microbiologia do Solo - PPGMAA

Os rizóbios são conhecidos por sua capacidade de formar nódulos radiculares em simbiose com leguminosas hospedeiras e, ali, fixar o dinitrogênio (N₂) atmosférico, disponibilizando-o em formas assimiláveis à planta. Muitos dos mecanismos deste processo simbiótico são amplamente conhecidos; no entanto, mais recentemente, estas bactérias foram identificadas colonizando os tecidos ou a superfície das raízes de tais plantas e atuando também como promotores de crescimento em plantas não leguminosas. Este trabalho visa caracterizar isolados e estirpes de rizóbios disponíveis no acervo do Laboratório de Microbiologia do Solo da UFRGS e na Coleção SEMIA do DDPA – RS quanto à capacidade de solubilização do fosfato, produção de ACC desaminase, produção de tirosinase a qual produz o polímero escuro melanina (*melA*+) e a capacidade de nodulação em plantas leguminosas hospedeiras específicas. Os rizóbios produtores de melanina serão submetidos a testes de competição com isolados não produtores. Para isso, estão sendo conduzidos experimentos com inoculação simples e conjunta (1:1), tanto *in vitro* e após serão conduzidos em casa de vegetação. Ao final dos experimentos, os nódulos serão coletados e analisados quanto à produção de melanina. Posteriormente, será realizada a extração e amplificação por PCR de DNA bacteriano buscando-se estabelecer relação entre isolados portadores do gene *melA*, para a produção de melanina, e ocupação e competitividade em nódulos de leguminosas hospedeiras. Espera-se como resultado do trabalho a obtenção de mecanismo confiável para rastreamento de rizóbios endofíticos, produtores de tirosinase, no interior de tecidos de gramíneas inoculadas com tais rizóbios.

Palavras-chave: rizóbios, produção de melanina, fixação de nitrogênio, PGPR (plant-growth promoting rhizobacteria)

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

ANÁLISE METAGENÔMICA DO VIROMA DE TONSILAS DE BÚFALOS DA ILHA DE MARAJÓ, PARÁ

Francine C. B. Timm¹, Raíssa Nunes dos Santos³, Fabrício Souza Campos¹, Bruna Paredes Galarza¹, Nicole Vieira Stone¹, Gisele Barcelos Seberino¹, Lina Marcela Violet Lozano¹, Fernanda Marques de Souza Godinho², Richard Steiner Salvato², Ana Cláudia Franco¹, Maria Audiléia da Silva Teixeira⁴, Gabriela Riet-Correa Rivero⁵, Valéria Duarte Cerqueira⁵, Pedro Soares Bezerra Júnior⁵, Paulo Michel Roehe¹.

f-timm@outlook.com

1 – Laboratório de Virologia, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, 90050-170, Brasil.

2 – Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CDCT), Centro Estadual de Vigilância em Saúde (CEVS) da Secretaria Estadual da Saúde do Rio Grande do Sul (SESRS), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, 90450-190, Brasil .

3 - Laboratório de Bioinformática e Biotecnologia, Campus Gurupi, Universidade Federal do Tocantins, Gurupi, Tocantins, 77410-570, Brasil.

4- Agência Estadual de Defesa Agropecuária do Estado do Pará (ADEPARÁ), Belém, Pará, 66085-023, Brasil.

5- Laboratório de Patologia Animal, Instituto de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Pará (UFPA), Castanhal, Pará, 68741-071, Brasil.

Dado o potencial da criação de búfalos domésticos (*Bubalus bubalis bubalis*) e seu crescimento recente no Brasil, nosso grupo tem focado suas atenções no estudo do viroma de bubalinos da região norte do Brasil, região que possui o maior rebanho dessa espécie no País. Como parte desse projeto, no presente trabalho foi realizada uma análise metagenômica para avaliar a diversidade viral em tonsilas palatinas de búfalos domésticos (*Bubalus bubalis*) de diferentes fazendas da ilha de Marajó, Pará. Fragmentos de tonsilas de 60 bubalinos foram selecionados aleatoriamente a partir de uma amostragem de 302 animais. Genomas virais foram purificados, extraídos e amplificados randomicamente com DNA polimerase do fago phi29. Após a amplificação, os produtos foram purificados e sequenciados através da plataforma Illumina. Após a montagem dos reads, os contigs virais foram submetidos ao alinhamento usando a ferramenta BLAST+. Vírus de DNA circular foram predominantes no viroma, incluindo um genoma de poliomavírus bubalino não previamente reportado. Além disso, sequências de segmentos de genomas virais representativos de membros dos gêneros *Alphapolyomavirus*, *Gammaretrovirus*, *Gemykibivirus*, *Gemykrogvirus* e *Porprismacovirus* foram identificados, além de outros genomas de vírus circulares ainda não classificados. Estudos futuros serão realizados para aprimorar e aprofundar o conhecimento sobre o viroma e microbioma bubalino, permitindo um melhor entendimento sobre interações vírus-hospedeiro, bem como examinar o papel de vírus bubalinos como potenciais agentes de patologias em outras espécies, incluindo o homem.

Palavras-chave: Metagenômica, Viroma, Búfalos, Sequenciamento, Poliomavírus

CONTROLE *IN VITRO* DE *Erwinia psidii* PELO USO DE FORMULADOS QUÍMICOS E BIOLÓGICOS

Thainá Fogliatto Moreira¹, Paulo Roberto Dall Cortivo¹, Giovanna Cerbaro¹, Roberto Lanna Filho¹, Talyta Galafassi Zarpelon², Edival Ângelo Valverde Zauza², Reginaldo Gonçalves Máfia²

(thainafogliatto@gmail.com)

1 – Laboratório de Bacteriologia Vegetal e Biocontrole, Departamento de Fitossanidade – Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

2 – Sanidade e Proteção Florestal- Suzano Papel e Celulose.

A seca-de-ponteiros do eucalipto, causada por *Erwinia psidii*, é uma das doenças mais importantes da eucaliptocultura. Atualmente, as medidas de controle deste patógeno são o plantio de mudas livres do patógeno e o emprego de genótipos resistentes. Contudo, essas medidas têm se mostrado ineficazes na redução ou eliminação da doença em condições de floresta plantada. Buscando novas alternativas de controle à doença, o emprego de formulados a base de bactérias, fungos e compostos químicos podem resultar em um melhor controle ao patógeno. Neste contexto, o presente estudo objetivou avaliar o comportamento de diferentes formulados químicos e biológicos em diferentes concentrações no controle *in vitro* da *E. psidii*. Para testar os formulados em suas diferentes concentrações, o método de dupla camada foi utilizado. Uma camada básica de meio fundente de ágar-água (2%) foi vertida em placas de Petri e, após solidificação, uma sobre camada de meio 523 semissólido fundente (ágar a 0,8%; 45°C), contendo uma suspensão de células da *E. psidii*, (10⁸ UFC/mL) foi depositada a camada básica. Com a solidificação do meio semissólido foram feitos orifícios de um centímetro de diâmetro na sobre-camada, sem a perfuração da camada básica. Os formulados foram adicionados separadamente nas cavidades, nas concentrações de 0, 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 e 100%. As placas foram mantidas a 28°C durante 24 h para o crescimento bacteriano. O experimento foi conduzido em Delineamento Inteiramente Casualizado (DIC) em triplicata, e os dados foram submetidos à análise de variância com as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de significância de 5% de probabilidade. Em relação aos resultados obtidos, verificou-se que os produtos à base de micro-organismos, como *Bacillus* spp., *Trichoderma* spp. e *Streptomyces* spp., mostraram-se eficientes no controle *in vitro* da *E. psidii* desde a sua menor concentração (10%). Os formulados químicos a base de cobre e Casugamicina não promoveram a inibição do patógeno. Estes resultados possibilitam elencar os formulados para serem usados como estudos futuros em condições de casa-de-vegetação com o intuito de mitigar o efeito da seca-de-ponteiros em condições de floresta plantada, além disso, os bons resultados obtidos a partir da utilização de produtos biológicos podem contribuir para a redução da aplicação de produtos químicos no meio ambiente.

Palavras-chave: Bacteriose, eucalipto, manejo, seca-de-ponteiros.

USO DO ÁGAR AMIDOCASEÍNA PARA ISOLAMENTO DE ACTINOMICETOS A PARTIR DE FEZES DE SUÍNOS

Victória S. Perachi^{1*}, Amanda C. Cardoso¹, Bruno P. Milnitsky², Gertrudes Corção², Marisa da Costa².

(victoriaperachi@gmail.com)

1 Medicina Veterinária/UFRGS,

2 PPGMAA/UFRGS

Os actinomicetos são bactérias presentes em vários ambientes, inclusive na microbiota entérica dos animais. Esse grupo tem uma grande capacidade de metabolizar compostos complexos e provavelmente têm papel importante na degradação de nutrientes nos intestinos. Com objetivo de conhecer quais espécies de actinomicetos estão presentes nos intestinos de suínos utilizamos o meio ágar amidocaseína para isolar estes microrganismos. De um total de 74 isolados, cinco apresentaram características morfológicas de actinomiceto (morfologia de colônia ou celular). Destes, somente um isolado de *Micromonospora chalcea* e *Rhodococcus* sp. foram identificadas até o momento e outros três actinomicetos filamentosos estão em processo de identificação. Várias outras espécies bacterianas com características diferentes dos actinomicetos também foram isoladas. Destas identificamos até o momento: *Acinetobacter johnsonii* (1 isolado), *Bacillus cereus* (13 isolados), *B. circulans* (1), *B. licheniformis* (30), *B. subtilis* (1), *Brevundimonas vesicularis* (2), *Enterococcus faecium* (9), *Lysinibacillus boronitolerans* (1), *L. sphaericus* (1), *Micrococcus luteus* (1), *Pseudomonas oryzihabitans* (1), *P. stutzeri* (2), *Pseudomonas* sp. (2) e *Rummeliibacillus pycnus* (5). Em sua maioria essas bactérias formam colônias visíveis no meio ACA a partir de 7 dias de cultivo. Até o momento foram identificados pelo MALDI-TOF nove espécies e dois gêneros bacterianos. Predominou o crescimento de outras bactérias com características diferentes dos actinomicetos no meio utilizado. Dos isolados já identificados predominaram bactérias gram-positivas esporuladas que, semelhante aos actinomicetos, também apresentam uma grande capacidade de utilizar polímeros complexos. O gênero *Pseudomonas* predominou entre os isolados gram-negativos. O uso de outros meios seletivos para actinomicetos ou variações na composição do ágar amidocaseína talvez seja uma alternativa para aumentarmos o número de actinomicetos isolados neste tipo de amostra.

Palavras-chave: suíno, actinomicetos, ágar amido caseína, *Bacillus* sp.

CONTAGEM DE COLIFORMES TOTAIS E TERMOTOLERANTES, APÓS TRATAMENTO SUPERFICIAL, NA CASCA DE OVOS DE CODORNA

Lívia Ribeiro da Silva¹, Arthur Costa Pereira Santiago de Almeida¹, Clara Beatriz Ataíde¹, Paula Cibelly Vilela da Silva¹, Raí Duarte Costa¹, Yamina Coentro Montaldo¹

(livia.silva@ceca.ufal.br)

1 – Universidade Federal de Alagoas

A coturnicultura, por ser menos exigente em mão de obra e tecnificação que outras criações, vêm despertado grande interesse de produtores, empresas e pesquisadores. Somada às qualidades produtivas das codornas, é possível perceber na última década a mudança nos hábitos alimentares da população, o que aumentou a busca por ovos de codornas, que podem ser encontrados “in natura” ou minimamente processados, além de constituir pratos em restaurantes e demais ambientes comerciais. Considerando a importância da indicação de contaminação durante o processo de fabricação ou mesmo pós processamento, objetivou-se avaliar a qualidade microbiológica de ovos de codorna, por meio da quantificação da presença de coliformes totais, termotolerantes em ovos de codorna tratados com diferentes concentrações de resíduos de própolis, em temperatura ambiente e refrigerados. Foram analisados 240 avos, divididos em 6 tratamentos e 5 épocas de avaliação. A determinação do Número Mais Provável de coliformes totais e termotolerantes (NMP/mL) foi realizada utilizando a técnica dos tubos múltiplos. Os resultados obtidos para NMP na água de lavagem de ovos a 28°C foi positiva em todos os tratamentos, exceto nos tratamentos com 5% e 20% de resíduo de própolis. Para a lavagem de ovos resfriados, o 7º dia apresentou maiores leituras. Para o conteúdo interno dos ovos, o tratamento controle apresentou NMP acima dos padrões e para os ovos resfriados houve apenas amostras indicativas ao 7º e 14º dia. Com os resultados encontrados neste trabalho, pode-se verificar que os tratamentos não foram suficientes para controlar o número de coliformes nas amostras analisadas. Indicando a necessidade de melhoria na manipulação e acondicionamento desses ovos, além de demonstrar a necessidade de aperfeiçoar métodos que possam melhorar a qualidade higiênica desses ovos.

Palavras-chave: Coturnicultura; Qualidade microbiológica; Produção de ovos.

Modalidade Ambiental

Realização



Patrocínio



Apoio



INATIVAÇÃO DE *Escherichia coli* COM NÉVOA DE OZÔNIO.

Kerolyn Corrêa Cabral¹, Bethania Brochier¹

(kerolynccabral@gmail.com)

1 – Universidade do Vale do Rio dos Sinos (Unisinos)

O ozônio é um forte oxidante e já conhecido como potente agente desinfetante. Embora seja uma tecnologia emergente no Brasil, tem sido utilizado em países da Europa e nos EUA há bastante tempo. Seu uso apresenta vantagens na indústria alimentícia, na área hospitalar, na desinfecção de ambientes, sendo aplicado para higienização de superfícies, saneamento de equipamentos e reutilização de águas residuais. Enquanto a inativação de bactérias pelo ozônio tem sido estudada extensivamente nas suas formas gasosa e aquosa, poucas informações estão disponíveis sobre o efeito da névoa ozonizada na desinfecção de ambientes. Neste sentido, o presente estudo teve como objetivo estudar a inativação de *Escherichia coli* (cepa ATCC 25922) em superfícies por névoa de ozônio. Usou-se um equipamento gerador de névoa de ozônio da marca Instor Projects and Robotics, que possuía um reservatório de água, por onde passava o ozônio gerado por descarga corona através de gás oxigênio alimentado a 1 L/min. Os testes foram realizados em dias diferentes, com variação diária da temperatura ambiente e umidade relativa do ar. A capacidade da névoa de ozônio em inativar a cepa da bactéria foi avaliada em triplicata, utilizando a bactéria inoculada na superfície de placas com ágar PCA (plate count agar) em cinco concentrações conhecidas (10^2 a 10^6 UFC/placa) e expostos à névoa com 46 ± 3 ppm de ozônio por 3 minutos. A exposição das placas inoculadas ocorreu na mesma altura da saída da névoa ozonizada (na superfície de bancada), com distância de 30 cm. Após a exposição, as placas foram tampadas e incubadas a 37 °C por 24 horas, junto com o controle, que não passou pela exposição. Foi verificado que, quanto maior a concentração de ozônio na névoa e menor a temperatura ambiente, maior foi a inativação da *E. coli*. A distância de 30 cm na horizontal, da saída da névoa ozonizada, foi o suficiente para a redução de 99,99% da bactéria alvo, o que corresponde a 4 ciclos logarítmicos, na temperatura ambiente entre 22 e 30 °C e umidade relativa do ar entre 40 e 97%, podendo nessas condições ser considerada como sanificante para a cepa de *E. coli* estudada na concentração inicial de 10^6 UFC/placa. Além disso, a névoa de ozônio apresentou um melhor desempenho quando exposta a uma maior umidade relativa do ar, entre 60 e 97%, que, em função do ar estar mais denso, não permitiu que a névoa se dispersasse instantaneamente, proporcionando um maior tempo de contato com o microrganismo alvo.

Palavras-chave: névoa de ozônio, ozonização, *Escherichia coli*, inativação, sanitização.

AValiação dos Fatores de Virulência de Isolados de *Escherichia coli* Obtidos de Águas para Consumo Humano

Gabriele Lopes Socossiuc¹, Isabella da Silva Pardim¹, Rita de Cássia Gonçalves Chagas¹, Laís Anversa², Erika Kushikawa Saeki¹

(gabrielesocossiuc@hotmail.com)

1 – Centro de Laboratório Regional, Instituto Adolfo Lutz, Presidente Prudente, São Paulo, Brasil.

2 – Centro de Laboratório Regional, Instituto Adolfo Lutz, Bauru, São Paulo, Brasil.

A qualidade da água fornecida para a população deve passar por um processo no qual haja controle e cuidado desde a captação até sua distribuição, atendendo os requisitos da Portaria GM/MS Nº 888, de 04 de maio de 2021, no qual estabelece a ausência de *Escherichia coli* em 100 mL. O objetivo deste trabalho foi investigar a produção de motilidade *swarming* e formação de biofilmes em isolados de *E. coli* obtidas de águas para consumo humano. As análises das águas para consumo humano foram realizadas em atendimento ao Programa de Vigilância da Qualidade da Água para Consumo Humano (Proágua). As amostras foram colhidas pelos técnicos da Vigilância Sanitária e entregues ao Instituto Adolfo Lutz para a realização da Pesquisa de Coliformes totais e *E. coli*. O isolamento da bactéria *E.coli* foi realizada a partir da técnica de presença e ausência com o substrato cromogênico a 35 °C/ 24 horas, seguido de crescimento em ágar eosina azul de metileno (EMB) a 37 °C/ 24 horas. Para os ensaios de motilidade e formação de biofilmes foram analisados 66 isolados de *E.coli*. O ensaio de *swarming* foi realizado a partir de 10 µL de suspensões bacterianas que foram inoculadas em superfície do ágar *swarming* e incubados a 37 °C/ 24 horas. Os resultados foram interpretados usando a média das medidas de diâmetro do halo (mm). A capacidade de formação de biofilmes foi avaliada por ensaio quantitativo em placas de microtitulação de poliestireno pelo método de cristal violeta com leitura a 620 nm. Todos os ensaios foram realizados em triplicata. Desta forma, quanto à motilidade *swarming*, verificou-se que, dos 66 isolados bacterianos pesquisados, 58 (87,9%) foram consideradas fracamente móveis, sete (10,6%) moderadamente móveis e, um (1,5%) altamente móvel. Em relação à capacidade de formação de biofilmes, três (4,5%) isolados foram considerados fortes produtores de biofilme, dois (3,0%) produtores moderados, 50 (75,8%) produtores fracos, e 11 (16,7%) não produtores. Diante dos resultados apresentados destacamos o possível risco à Saúde Pública devido ao consumo de água proveniente do sistema de abastecimento público contendo isolados de *E. coli* que apresentam alta motilidade e capacidade de formação de biofilmes. Por isso, conforme a legislação vigente é importante que toda água para consumo humano fornecido coletivamente passe por processo de desinfecção ou adição de desinfetante para manutenção dos residuais mínimos, para garantir a qualidade da água a toda população.

Palavras-chave: Motilidade *Swarming*, Biofilme, Qualidade da água.

ENSAIO DE ANTAGONISMO MICROSCÓPICO *IN VITRO* DE ACTINOBACTÉRIAS CONTRA FUNGOS FITOPATOGÊNICOS

Heloísa Giacomelli Ribeiro¹, Vitor de Oliveira Triz¹, Sueli T. Van Der Sand²

(heloisagiacomelli@gmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Departamento de Microbiologia, Rua Sarmento Leite, 500 – 90050-170 – Porto Alegre, RS, Brasil.

Fungos fitopatogênicos são uma grande ameaça à produção agrícola. Estratégias de controle biológico emergiram como uma alternativa sustentável aos compostos sintéticos utilizados para combater os microrganismos patogênicos. As actinobactérias são bactérias majoritariamente miceliais e de vida livre conhecidas por produzirem grande parte dos antibióticos de origem natural. Esse trabalho teve como objetivo observar a atividade antagônica de dois isolados de actinobactérias, *Streptomyces* R(18)6 e Flor, previamente selecionados como fungicidas através do teste de dupla camada. Esta análise foi realizada através de microscopia óptica das estruturas formadas em micro cultivo. Em uma fatia de meio ágar água de 4 mm de diâmetro foram pipetados 25 µL de uma solução 1:1 de propágulos bacterianos com concentração de 1×10^8 UFC/mL e esporos fúngicos com concentração de no mínimo 10^4 esporos/mL. A incubação foi realizada em estufa de crescimento microbiológico a $28^\circ\text{C} \pm 2^\circ\text{C}$, sem presença de luz, por 10 dias. Como grupos controles foram utilizadas soluções bacterianas e fúngicas separadamente. O ensaio foi realizado em triplicata e as imagens foram capturadas utilizando o sistema de imagens digital Mshot acoplado ao microscópio de fluorescência e contraste de fase modelo MD90 da Mshot. O isolado Flor causou alterações nas hifas contra todos os fungos fitopatogênicos testados. O isolado R(18)6 não causou alterações nas hifas em meio ágar água, mas quando testado em meio ágar batata causou alterações nas hifas do fungo *Fusarium sp.*, o que demonstra que as actinobactérias possuem necessidades nutricionais diferentes em relação à produção de compostos antibióticos. As alterações causadas pelo isolado Flor distinguem-se visualmente daquelas causadas pelo isolado R(18)6. Para determinar se os isolados de actinobactérias agem sobre a parede ou membrana celular dos fungos serão realizados ensaios de concentração inibitória mínima com suplementação de sorbitol e ergosterol.

Palavras-chave: Controle biológico, microscopia óptica, alterações nas hifas

Agência de fomento: CAPES e CNPq

TIPAGEM MOLECULAR POR ERIC-PCR E PESQUISA DE GENES DE VIRULÊNCIA EM *Escherichia coli* ISOLADAS DE BIOFERTILANTES SUÍNOS

OLIVEIRA-SILVA, M.¹, MORAES, M. A.¹, GOULART, R. S.², NAKAMURA-SILVA, R.¹, MEDEIROS, L. P.³, KOBAYASHI, R. K. T.³, NAKAZATO, G.³, PITONDO-SILVA, A.^{1,2}

maryoliveira@outlook.com

¹Programa de Pós-graduação em Tecnologia Ambiental
Universidade de Ribeirão Preto- UNAERP

²Programa de Pós-graduação em Odontologia
Universidade de Ribeirão Preto- UNAERP

³Departamento de Microbiologia
Universidade Estadual de Londrina - UEL

Escherichia coli está entre as principais bactérias responsáveis por causar inúmeras doenças intestinais e extra intestinais em humanos e animais. Em humanos é responsável por 90% das pielonefrites, na suinocultura, é a maior causa de morte em suínos neonatais e após o desmame, provocando diarreia e causando grandes prejuízos para o setor. Na pecuária, é frequente o uso de antimicrobianos como prevenção de doenças, especialmente gastrointestinais, podendo promover a seleção de cepas resistentes aos antimicrobianos que são disseminadas pelas fezes dos animais, incluindo suínos. É comum o uso das fazes suínas em biodigestores para serem utilizadas como biofertilizantes. Portanto, o objetivo desse estudo foi investigar a presença de genes de virulência frequentemente associados a patótipos de *E. coli* diarreiogênica (DEC) e investigar as relações genéticas de 29 *E. coli* isoladas de biofertilizantes suínos. Foram pesquisados pela reação da polimerase em cadeia (PCR) 14 diferentes genes de virulência associados às principais DECs e a relação genética entre os isolados foi determinada pela técnica de *Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus-PCR* (ERIC-PCR). Os resultados demonstraram que não foram detectados nenhum dos 14 genes associados à DECs indicando a presença de uma microbiota comensal avirulenta, que pode ser consequência do manejo dos animais. Estudos indicam que animais saudáveis possuem uma microbiota intestinal menos virulenta, diminuindo prejuízos de doenças, tratamento e perda de animais, contribuindo para bem-estar animal e diminuindo uso de antimicrobianos. A tipagem molecular por ERIC-PCR demonstrou a formação de dois clusters que a maioria dos isolados (27 isolados) se agrupou em um *cluster* (denominado B), compartilhando 47,7% de similaridade genética entre si e um pequeno *cluster* (A) com apenas dois isolados, compartilhando 60,6% de similaridade genética. Tais resultados indicam que há uma grande diversidade genética entre isolados estudados, que é muito comum dentro da espécie *E. coli*. Assim, fazer a vigilância epidemiológica de fazendas de criação de animais, é de suma importância para conhecer a sua microbiota e, dessa forma, traçar planos para diminuir a utilização de antimicrobianos e contribuir para o bem-estar animal.

Palavras-chave: *Escherichia coli*, patotipagem, tipagem molecular, vigilância epidemiológica, fertilizante suíno.

FOMENTO: UNAERP, CAPES, FAPESP.

AS APARÊNCIAS ENGANAM: IDENTIFICAÇÃO DE AMEBAS TECADAS PARA ESTUDOS DE COMUNIDADES BIOLÓGICAS.

Giulia Magri Ribeiro^{1,2}, Fernando Useros López², Kenneth Dumack³, Rubén Gonzáles-Miguéns², Alfredo L. Porfírio-Sousa^{1,4}, Carmen Soler-Zamora², Daniel J.G. Lahr¹, Enrique Lara²

1. University of São Paulo, Department of Zoology, Institute of Biosciences, Rua do Matão, tv. 14, 101, 05508-090, São Paulo, Brazil

2. Real Jardín Botánico de Madrid, Spanish National Research Council (CSIC), Plaza Murillo 2, ES 28014 Madrid, Spain

3. University of Cologne, Terrestrial Ecology, Institute of Zoology, Zùlpicher Str. 47b, 50674 Köln, Germany

4. Department of Biological Sciences, Mississippi State University, Mississippi State, Mississippi, United States of America,

A identificação de amebas tecadas (tecamebas) é um desafio contínuo, tanto para os investigadores de ciências básicas como aplicadas. Tecamebas é um agrupamento não natural, composto de linhagens evolutivamente distantes de amebas. A característica em comum dessas linhagens, é a presença de uma carapaça rígida envolvendo a célula (teca). Devido a presença desta carapaça, que permite a identificação morfológica de grupos, tecamebas têm sido muito utilizadas na análise de comunidades ambientais terrestres e aquáticas. Entretanto, o uso da morfologia para a identificação em nível de espécies tem se mostrado impreciso. Hoje sabemos que as amebas tecadas possuem por exemplo, efeitos de plasticidade fenotípica, danos e influências das condições ambientais nesta carapaça. Dessa forma, tudo isso pode levar a um erro de identificação dessas espécies. Considerando, o seu grande uso em análises ambientais, metodologias mais objetivas, práticas e precisas são necessárias. A biologia molecular oferece uma solução para esta questão. Atualmente, estudos de DNA ambiental (eDNA) têm sido bem sucedidos com o uso de marcadores mitocondriais de citocromo oxidase (COI), na identificação das comunidades de tecamebas presentes no ambiente. Entretanto, essa metodologia demanda uma base de dados mais completa do marcador molecular utilizado, que contemple a diversidade do grupo. Dessa forma, o foco dos trabalhos que desenvolvemos atualmente é incrementar a base de dados de COI para Arcellinida, uma das principais linhagens de tecamebas. Para isso, utilizamos dados de amostragens no ambiente e dados provindos de bases de dados públicas, minados de experimentos de sequenciamento de RNA. Com nosso estudo mais recente, adicionamos 25 seqüências de citocromo oxidase, distribuídas em todos os grandes grupos de Arcellinídeos. Além disso, identificamos algumas linhagens novas de arcellinídeos, que foram descritas neste trabalho. Por fim, testamos a precisão base de dados incrementada na identificação de unidades taxonômicas (OTUs) de experimentos de eDNA realizados pelo laboratório.

Palavras-chave: Arcellinida; eDNA; barcoding; bioindicadores; citocromo oxidase

Agência de fomento: Fundação de Amparo à pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP)

RESISTÊNCIA A ANTIMICROBIANOS NA MICROBIOTA DE PINGUINS ANTÁRTICOS.

Guilherme de Ávila Rodrigues¹, Maycon Trindades Boneberg¹, Maria Virginia Petry², Homero Dewes¹, Fabiana Horn¹

Email: presck97@gmail.com

1 – Laboratório de Microbiologia Celular, Departamento de Biofísica, Instituto de Biociências.

2 – Laboratório de Ornitologia e Animais Marinhos, UNISINOS, São Leopoldo.

Durante as últimas décadas, a resistência a antimicrobianos vem se tornando um problema de saúde pública global. Acredita-se que a disseminação da resistência a antimicrobianos seja relativamente baixa em ambientes extremos, como é o caso da Antártica. Ademais, a atividade humana, que promoveria a disseminação da resistência nesse continente, é limitada devido aos tratados para sua conservação. Os pinguins antárticos ocorrem neste continente que é o mais remoto e considerado o último lugar selvagem intocado pelo homem e, portanto estão entre as aves marinhas menos suscetíveis à ação antrópica direta. O objetivo deste trabalho foi analisar a resistência bacteriana em amostras da microbiota intestinal de *Pygoscelis antarcticus*. Foram coletados suabes cloacais de 73 indivíduos de colônias das Ilhas Shetlands do Sul (Ilha Livingston, Ilha Pinguim e Ilha Rei George) em dezembro de 2017. Desses, 45 suabes apresentaram crescimento em BHI (pré-enriquecimento) e essas amostras foram submetidas ao crescimento na presença de cinco antibióticos: ampicilina (32 µg/ml), eritromicina (8 µg/ml), estreptomicina (500 µg/ml) tetraciclina (16 µg/ml) e vancomicina (32 µg/ml). Vinte por cento (9/45) das amostras enriquecidas apresentaram bactérias resistentes a ampicilina, 15% (7/45), a tetraciclina e 4% (2/45), a eritromicina. Nenhuma amostra apresentou bactérias resistentes a mais de um antibiótico. Não foi observada resistência à estreptomicina ou vancomicina. A identificação por espectrometria de massa em MALDI-TOF dos isolados resistentes à tetraciclina e eritromicina revelou que 6 dos isolados resistentes à tetraciclina são *Escherichia coli*. O crescimento em ágar Macconkey indica que todos os isolados resistentes à ampicilina são gram-negativos. As amostras de ampicilina e tetraciclina destacam-se por serem oriundas da ponta Chabrier, na Ilha Rei George, na saída da baía que abriga estações científicas dos países signatários do Tratado da Antártica, além de haver turismo próximo ao local. Nossos resultados até o momento indicam que a presença de *E. coli* resistentes pode ser consequência da atividade antrópica direta.

Palavras-chave: Antimicrobianos; Resistência; Antártica; Pinguins.

Agência de fomento: CAPES (G.A.R.) e Propesq-UFRGS (M.T.B.)

NOVO E PROMISSOR ISOLADO DE *Streptomyces* sp.: CARACTERIZAÇÃO DE MOLÉCULAS BIOATIVAS COM ATIVIDADE ANTIFÚNGICA

João Paulo D. Witusk¹, Sueli T. Van Der Sand¹

Contato: joao.witusk@gmail.com

¹ Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia -UFRGS

O gênero *Streptomyces* é o maior produtor de metabólitos secundários dentre os micro-organismos, sendo responsável por produzir cerca de 33% de todos os compostos bioativos naturais. O uso indiscriminado de antibióticos em animais, plantas e humanos, o crescimento populacional constante e o aumento da globalização facilitaram a disseminação de resistência por todo o mundo. Grande parte das classes de antibióticos em uso foram descobertos antes da década de 1970 e desde então a maioria dos novos compostos aprovados para uso foram criados a partir de modificações químicas nas estruturas de compostos que já existiam. Este trabalho se propõe a explorar a produção de compostos antimicrobianos de um novo isolado de *Streptomyces*, buscando caracterizar a(s) molécula(s) envolvida(s) na inibição do crescimento de fungos dermatófitos. Foi realizado o ensaio da Dupla-camada para verificar a capacidade do isolado de *Streptomyces* de inibir o crescimento do fungo dermatófito *Fusarium keratoplasticum*. O isolado Flor foi inoculado em meio ACA por inóculo em picada e incubado a 28°C por 7 dias, enquanto que o isolado de fungo foi crescido em meio SNA pelo mesmo período e na mesma temperatura, para produção de esporos. O isolado Flor também foi crescido em meio líquido AC por 7 dias a 28°C e a produção de compostos antifúngicos foi determinada pelo ensaio da difusão em poço de ágar. O crescimento líquido do isolado Flor foi submetido também a uma extração líquido-líquido com o solvente acetato de etila. Para iniciar a caracterização da molécula com atividade antimicrobiana, o sobrenadante livre de células e a fase aquosa do isolado Flor foram submetidos a análises com Espectrometria de Massas de Alta Resolução com Cromatografia Líquida (LC-HRMS). Em relação aos ensaios da Dupla-camada e de difusão em poço de ágar, o isolado Flor foi capaz de inibir o crescimento do fungo dermatófito *F. keratoplasticum*, demonstrando sua capacidade de produção de compostos antimicrobianos, em especial contra esse isolado proveniente de amostras clínicas de infecções de pele. A análise com LC-HRMS demonstrou que existem algumas moléculas presentes, tanto no sobrenadante livre de células quanto na fase aquosa do isolado Flor, que não foram detectadas no controle negativo da análise. A investigação dessas moléculas, a partir da sua massa molecular, pode auxiliar na procura por compostos já conhecidos ou indicar a produção de um composto antimicrobiano ainda não conhecido.

Palavras-chave: *Streptomyces*; Antifúngicos; Espectrometria de massas;

IDENTIFICAÇÃO DE BACTÉRIAS HALOTOLERANTES EM AMOSTRAS DE ÁGUA PRODUZIDA DA INDÚSTRIA DE ÓLEO E GÁS.

Thaís Diehl¹, Gabriela Feix Pereira^{1,2}, Gertrudes Corção¹

(thaisdiehl0@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

2 – Dorf Ketal Research and Development Center, Nova Santa Rita, Rio Grande do Sul, Brasil.

Água produzida corresponde ao principal efluente gerado durante o processamento de petróleo. Em razão da sua constituição química e alta salinidade, sua presença possibilita condições para o crescimento de microrganismos e seus metabólitos, os quais podem acarretar diversos malefícios para a indústria petrolífera. Bactérias halofílicas são frequentes nesse efluente e podem estar envolvidas na deterioração de equipamentos e na produção complexa de biofilme. Desse modo, o objetivo deste estudo foi determinar a composição do microbioma halófilo em condições aeróbias e anaeróbias de um campo de petróleo brasileiro. Os consórcios bacterianos foram cultivados em ambiente aeróbio e anaeróbio a partir de duas amostras de água produzida oriundas de plataformas de petróleo offshore pela técnica de enriquecimento por 21 dias. O isolamento foi realizado em ágar Marinho (MERCK) (cultivo aeróbio e anaeróbio), os isolados bacterianos submetidos a coloração de Gram e posteriormente identificados através do método de Espectrometria de Massa de Tempo de Voo por Ionização de Dessorção a Laser Assistida por Matriz (MALDI-TOF). Para classificar o limite de tolerância em ambiente halofílico, os isolados foram semeados em Caldo Marinho (MERCK) e suplementados com diferentes concentrações de NaCl: 0,4M; 0,5M; 1M; 1,5M; 2M; 3M; 4M e 5,3M. O crescimento bacteriano foi observado visualmente e mediante densidade óptica (DO) a 560nm em Espectrofotômetro SP-22 Biospectro. As espécies encontradas foram respectivamente: *Pseudomona aeruginosa* (28), *Achromobacter denitrificans* (18), *Pseudomona balearica* (17), *Enterobacter cloacae* (16), *Achromobacter insolitus* (2) e *Bacillus cereus* (2). Os isolados mostraram capacidade de crescimento em todas as concentrações de NaCl analisadas, sendo, portanto, classificados como organismos extremamente halotolerantes, que não mostram necessidade absoluta de sal para o seu crescimento. Esses gêneros são recorrentes na indústria de óleo e gás e podem estar relacionados ao desenvolvimento de biofilmes, estrutura associada à alta tolerância a antimicrobianos, a qual dificulta o monitoramento e pode impulsionar processos de resistência bacteriana. Frente a relevância para a indústria, análises da capacidade de formação de biofilme, bem como, da suscetibilidade dos isolados bacterianos aos biocidas mais comuns empregados em campos de petróleo serão realizadas.

Palavras-chave: Água produzida; petróleo; microbioma; halotolerantes.

Agência de fomento: CAPES/PROAP

EFEITO DOS BIOCIDAS THPS E GLUTARALDEÍDO EM BIOFILMES DE BACTÉRIAS REDUTORAS DE SULFATO PROVENIENTES DE PLATAFORMAS DE PETRÓLEO

Gabriela Feix Pereira^{1,2}, Taiah Rosin ², Gertrudes Corção¹

1 – Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre – RS

2 – Centro de Pesquisa e Desenvolvimento Dorf Ketal Brasil. Nova Santa Rita – RS

*E-mail: gabriela.pereira@dorketal.com

A formação de biofilmes, especialmente por Bactérias Redutoras de Sulfato (BRS) em plataformas de petróleo é uma questão preocupante devido aos efeitos negativos que propicia, como aumento significativo nas taxas de corrosão, geração de H₂S e até mesmo entupimento de dutos e filtros. O controle bacteriológico em sistemas aquosos a partir da aplicação de biocidas como Tetrakis hidroximetil fosfônio (THPS) e Glutaraldeído é uma prática amplamente difundida. Todavia, o real efeito destes biocidas na população bacteriana, especialmente em bactérias sésseis, não é totalmente conhecido. A partir dessas considerações, o objetivo deste trabalho foi avaliar o impacto dos biocidas THPS e Glutaraldeído na inibição da formação de biofilmes e erradicação de biofilmes previamente estabelecidos por consórcios de BRS provenientes de diferentes plataformas de petróleo. A Concentração Inibitória Mínima (CIM) de cada biocida foi inicialmente definida para servir de base para os testes posteriores. A inibição da formação e a erradicação de biofilmes foram avaliadas em microplacas de nas dosagens de 0.5×CIM, CIM e 2×CIM. Os biofilmes foram corados com uma solução de cristal violeta 2% (m/m) e lidos em espectrofotômetro a 570 nm. Os consórcios apresentaram respostas específicas a cada biocida, sendo a MIC do THPS maior do que do Glutaraldeído nos três consórcios testados. Quanto a inibição da formação de biofilmes, o THPS demonstrou um efeito inverso, aumentando a formação de biofilmes com o aumento da dosagem em até 1,5 vezes em relação ao controle. Este efeito foi comum aos três consórcios testados e leva a inferir uma possível ativação de mecanismos de resistência de acordo com o aumento da dosagem do THPS. Por outro lado, a presença de Glutaraldeído inibiu a formação de biofilmes (exceto pelo consórcio 3 na dosagem 2×CIM) em diferentes níveis de acordo com o consórcio e dosagem. Quanto a erradicação de biofilmes pré-formados, todos os biocidas testados demonstraram algum nível de erradicação. O THPS apresentou os melhores resultados na dosagem 2×MIC. Possivelmente, o caráter ácido e decapante do THPS, sintetizado pela reação química do gás fosfina com formaldeído e ácido sulfúrico, contribuiu para os resultados. No geral, os resultados sugerem que não há ganho em aumentar indiscriminadamente a dosagem do biocida em relação à CIM, pelo contrário, dependendo do biocida, o aumento da dosagem pode acarretar no aumento da formação de biofilmes, agravando a problemática em campo.

Palavras-chave: Biofilmes; Bactérias Redutoras de Sulfato; Biocidas; Petróleo

Agência de fomento: CAPES - PROAP

ANÁLISE DA DIVERSIDADE BACTERIANA EM BIOFILMES ECOLÓGICOS E SEU POTENCIAL PARA A DEGRADAÇÃO DE COMPOSTOS POLUENTES DE DOIS PONTOS NO CURSO DO VACAÍ-MIRIM DE SANTA MARIA-RS.

Cíntia Souza Martins¹, Prof.^(a). Dr.^(a). Ana Paula Guedes Frazzon¹

(cintiamartins02@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

As atividades humanas geram e liberam continuamente poluentes químicos, como antibióticos, analgésicos, anti-inflamatórios, pesticidas entre outros compostos que afetam o meio ambiente. A exposição a esses poluentes, impulsiona os micro-organismos que vivem nesses ambientes a se adaptarem e formarem biofilmes. Os micro-organismos presentes nos biofilmes ecológicos podem ser usados como bioindicadores de contaminação ambiental e/ou biorremediadores, auxiliando na degradação de poluentes do solo e corpos d'água. O objetivo do presente estudo é avaliar a dinâmica da comunidade bacteriana presente em biofilmes ecológicos coletados no curso do Rio Vacaí-Mirim localizado no Campus da Universidade Federal de Santa Maria (RS) e inferir se esta comunidade tem capacidade metabólica para degradar diferentes poluentes. Para tanto, 16 rochas ficaram imersas no curso d'água em um ponto (PS: ponto sujo) do rio com elevada carga poluidora, pois recebe o efluente do Hospital Universitário de Santa Maria, por 40 dias, metade das rochas (n=8) foram alocadas no ponto acima do curso do rio com menor carga poluidora (PL: ponto limpo), e a outra metade permaneceu no PS. As rochas foram coletadas nos tempos 0, 8, 24, 48, 96, 144 e 192 horas. Os biofilmes foram raspados das pedras, liofilizados submetidos a extração de DNA total e as comunidades bacterianas caracterizadas por meio de sequenciamento parcial do gene *16S*rDNA através da plataforma Illumina-MiSeq. Análises de bioinformática serão empregadas para comparar a dinâmica das comunidades bacterianas nos dois biofilmes ecológicos (muito e pouco contaminados) e inferir a predição metabólica das bactérias presentes nos diferentes biofilmes. Será avaliada também pela técnica de PCR em tempo real a presença de genes de resistência dos biofilmes a diferentes antimicrobianos nos biofilmes. Busca-se com este estudo verificar a dinâmica da comunidade bacteriana presentes em biofilmes ecológicos nos diferentes pontos e avaliar seu tempo de resiliência quando a exposição aos poluentes diminui. Na análise dos genes de resistência pretende-se estabelecer uma relação entre as áreas coletas e os genes encontrados.

Palavras-chave: Biofilme, PCR, rio, bactérias, ambiente.

Agência de fomento: CAPES e CNPq.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE KOMBUCHA PRODUZIDA COM INGREDIENTES ORGÂNICOS E CONVENCIONAIS

Luana Lermen Becchi¹, Lucas Lago Bergamaschi¹, Douglas Henrique Giovanella Rodrigues¹, Mônica Jachetti Maciel¹, Daiane Heidrich¹

(llermen@univates.br)
(lucas.bergamaschi@universo.univates.br)
(dhgrodrigues@universo.univates.br)
(monicajm@univates.br)
(daiane.heidrich@univates.br)

1 – Universidade do Vale do Taquari – Univates

Kombucha é uma bebida com grande potencial terapêutico. Fabricá-la é simples, não requer grandes equipamentos ou ingredientes de difícil acesso, como a planta (*Camellia sinensis* (L.) Kuntze), açúcar, água e uma cultura simbiótica de bactérias e leveduras (SCOBY). O objetivo desta pesquisa foi identificar se a kombucha convencional ou a orgânica teve maior ação antimicrobiana e caracterizar a microbiota das bebidas. Foram desenvolvidas duas kombuchas com as mesmas condições de produção, uma com ingredientes orgânicos, outra com convencionais. A formulação foi desenvolvida no Laboratório de Técnica Dietética da Univates (Lajeado/RS). Para verificar se as bebidas estavam de acordo com o padrão exigido pelo MAPA, o pH foi determinado usando pHmetro e o grau alcoólico e a acidez volátil estão sendo analisados pela empresa Qualistatus (Viamão/RS), certificada pelo MAPA. A microbiota está sendo analisada pela empresa Agrega (Porto Alegre/RS). O DNA das duas bebidas será quantificado por espectrofotômetro Qubit. Será feita PCR *metabarcoding* e amplificação da região V4 do 16S rRNA (bactérias) e ITS do rRNA (fungos). O sequenciamento será realizado pela plataforma MiSeq. O método DADA2 será utilizado para inferir sequências biológicas verdadeiras, em formato FASTQ e as sequências serão importadas para o pipeline FROGS. As afiliações taxonômicas serão verificadas usando o banco de dados EzBiocloud para bactérias e UNITE para leveduras. A avaliação da atividade antimicrobiana foi realizada no laboratório de Microbiologia da Univates, pelo método de microdiluição, em duplicatas, de acordo com o *Clinical and Laboratory Standards Institute*. Utilizou-se bactérias Gram negativas (*Salmonella Typhimurium* e *Escherichia coli*), Gram positivas (*Bacillus cereus* e *Staphylococcus aureus*) e levedura (*Candida albicans*), para o qual foi realizado controle com fluconazol, validando o teste. Espera-se que as duas formulações estejam de acordo com os parâmetros determinados pelo MAPA. Na análise da microbiota espera-se encontrar principalmente leveduras dos gêneros *Saccharomyces*, *Zygosaccharomyces* e *Bretanomyces* e bactérias ácido acéticas dos gêneros *Komagataeibacter* e *Acetobacter*. A kombucha apresentou atividade antibacteriana contra todas as bactérias testadas, demonstrando inibição maior que 80%. Já frente à levedura, a kombucha apresentou pouca atividade antifúngica. Assim, o tipo de ingredientes utilizados na produção do kombucha não interfere na propriedade antimicrobiana da mesma.

Palavras-chave: bebida funcional; fermentação; microbiota.

Agência de fomento: FUVATES.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

CONTAMINAÇÃO FÚNGICA EM MATÉRIA VEGETAL UTILIZADA NA MEDICINA TRADICIONAL DO ESTADO DO RIO GRANDE DO NORTE, SEMIÁRIDO NORDESTINO.

Francisco Angelo Gurgel da Rocha¹, Caroline Gomes Benedito², Magnólia Fernandes Florêncio³, Nilma Dias Leão Costa⁴

(angelo.gurgel@ifrn.edu.br)

1 – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte (IFRN)

2 – Universidade Federal do Ceará (UFC)

3 – Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN)

4 – Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN)

Nos últimos anos, o consumo mundial de plantas medicinais cresceu de forma significativa. Contudo, a veiculação de microrganismos patogênicos neste tipo de material é considerada pela OMS como um problema de saúde pública. Objetivou-se determinar as densidades populacionais de bolores e leveduras em cascas de cumaru – *Amburana cearensis* (Allemão) comercializadas em feiras livres, classificando-as como adequadas ou não à utilização em preparos da medicina tradicional. Coletou-se um total de 35 amostras, equitativamente distribuídas entre os municípios de Caicó, Currais Novos e Jucurutu (RN). Preparou-se diluições decimais seriadas de 10^{-1} a 10^{-6} . Semeou-se em superfície, duplicatas de placas de Petri (Ágar Batata-Dextrosado + ácido tartárico 10%, $25 \pm 1^\circ\text{C}/5$ dias). Os resultados foram expressos em UFC/g e comparados aos limites estabelecidos pela ANVISA para chás (10^4 UFC/g) e macerações (10^3 UFC/g). Observou-se o crescimento de bolores e leveduras em 98% dos casos, com densidade mínima de 0 UFC/g, densidade máxima de $7,2 \times 10^7$ UFC/g, com densidade média de $1,9 \times 10^6$ UFC/g. Considerou-se inadequadas para o preparo de chás 10% das amostras de Caicó, 93% de Currais Novos e 70% de Jucurutu. Para as macerações, os percentuais de reprovação foram 90% em Caicó, 93% em Currais Novos, 90% em Jucurutu. Os dados condizem com as condições de higiene inadequadas, observadas na comercialização e armazenamento, favoráveis à proliferação de *Fusarium* spp., *Aspergillus* spp. e *Penicillium* spp., Gêneros típicos da etapa de armazenamento. Nestes, estão contidas espécies produtoras de micotoxinas mutagênicas, teratogênicas, carcinogênicas e imunossupressoras. Termorresistentes, tais compostos não são degradados durante o preparo de chás, permanecendo ativos no produto final. A ingestão de preparos contaminados pela aflatoxina B1, por exemplo, pode resultar na gênese do carcinoma hepatocelular (HCC). Adicionalmente, os fungos produzem ampla gama de enzimas capazes de gerar alterações químicas no fitocomplexo vegetal, potencialmente levando à toxicidade e/ou redução/perda da ação terapêutica esperada. Concluímos que a ingestão de produtos contendo cascas de cumaru disponíveis nas feiras livres analisadas representa risco à saúde humana. Recomenda-se a continuidade dos estudos, determinando-se os níveis de micotoxinas presentes, bem como o desenvolvimento de ações educativas, voltadas à capacitação dos comerciantes de produtos da medicina tradicional.

Palavras-chave: aflatoxina, micotoxinas, plantas medicinais, cumaru, *Amburana cearensis*.

DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS ASSOCIADAS AO CICLO DO ENXOFRE COM CAPACIDADE DE PRODUZIR DIMETILSULFURETO NO ATLÂNTICO SUDOESTE BRASILEIRO

William Soares Gattaz Brandão^{1,2}, Diana Carolina Duque Castaño², Vivian Helena Pellizari²

(gattazwilliam@gmail.com)

1 – Faculdades Oswaldo Cruz

2 – Laboratório de Ecologia Microbiana - Instituto Oceanográfico da Universidade de São Paulo

Os oceanos são responsáveis por aproximadamente 80% a 90% das emissões de dimetilsulfureto (DMS), que é o composto biológico de enxofre mais abundante liberado na atmosfera. O DMS é um composto volátil produzido por bactérias heterotróficas marinhas a partir do dimetilsulfoniopropionato (DMSP), um osmólito do fitoplâncton. O DMS liberado pelo oceano atua na nucleação de nuvens, e é considerado um composto de importância climática, com potencial associado ao controle do aumento da temperatura na superfície do planeta. As bactérias heterotróficas dos clados de *Roseobacter*, SAR 11, SAR 116, da classe Alphaproteobacteria e do clado SAR 86, da classe Gammaproteobacteria possuem a capacidade de metabolizar o dimetilsulfoniopropionato (DMSP) e produzir DMS. O presente trabalho avaliou a diversidade de microrganismos com capacidade de metabolizar o DMSP e produzir DMS nos sistemas bentônico e pelágico, da plataforma continental e zona oceânica adjacente da Bacia de Santos, no Atlântico Sudoeste. Métodos dependentes e independentes de cultivo foram empregados para conhecer a extensão da diversidade taxonômica e funcional, assim como o potencial biotecnológico, dos microrganismos associados ao metabolismo do DMSP. Os métodos dependentes de cultivo permitiram obter e caracterizar isolados com capacidade de metabolizar o DMSP. Os métodos independentes de cultivo proporcionaram conhecimento da diversidade taxonômica dos micro-organismos não cultivados que metabolizam DMSP e das vias metabólicas presentes nas diferentes zonas pelágicas da Bacia, incluindo as regiões de mar profundo.

Palavras-chave: Bacia de Santos; *roseobacter*; dimetilsulfoniopropionato; dimetilsulfureto; bactérias heterotróficas.

Agência de fomento: FAPESP/CNPQ.

DEMONSTRAÇÃO DE CULTURÔMICA NA DISCIPLINA DE DIVERSIDADE BACTERIANA

Marisa da Costa¹, Victória S. Perachi^{2*}, Amanda C. Cardoso²

1 DeMIP/ICBS/UFRGS*, 2 Medicina Veterinária/UFRGS *mdcosta@ufrgs.br

É sabido que a partir de uma amostra não é possível isolar a totalidade de microrganismos ali presente. Isso porque as condições nutricionais e físicas dos microrganismos variam. A culturômica tem sido um bom aliado na obtenção de um número maior de isolados a partir de uma amostra. Aqui descrevemos um experimento de aula prática executado para demonstrar que à medida que aumentamos algumas variáveis como meios de cultivo e tratamentos diferentes da amostra, aumentamos o número de isolados. Utilizamos uma amostra de solo; cinco meios de cultivo diferentes, um líquido (caldo infusão cérebro e coração) e quatro sólidos (ágar amidocaseína, ágar para contagem, ágar MacConkey e Ágar sangue); três tratamentos diferentes (semeadura direta após diluição seriada, aquecimento a 80° C por 10 min e pré cultivo em caldo antes do isolamento). A temperatura de cultivo de todos os tratamentos foi de 30° C e o tempo de cultivo variou de 48h a 7 dias. Foram selecionadas colônias morfologicamente diferentes em cada meio para o isolamento. A identificação das espécies foi feita por MALDI-TOF. Um total de 25 isolados bacterianos foram obtidos, 15 deles já identificados, como segue: *Bacillus cereus*, *B. mycooides*, *Lysinibacillus sphaericus*, *Rhodococcus erythropolis*, *Chrysiobacterium scophthalmum*, *Escherichia coli* (2 isolados), *Flavobacterium* sp., *Pseudomonas brassicacearum*, *P. putida* (2), *Pseudomonas* sp. (3) e *Raoutella ornithinolytica*. Meios diferentes auxiliaram no isolamento de espécies diferentes. Os isolados do ágar amidocaseína não foram observados nos outros meios (três actinomicetos filamentosos e *Rhodococcus erythropolis*). Somente no meio MacConkey foram isoladas *Escherichia coli* (2). A espécie *Flavobacterium* sp. foi isolada somente em ágar para contagem. O aquecimento prévio resultou no isolamento de *Bacillus mycooides* e *Lysinibacillus sphaericus*. O pré cultivo resultou no isolamento de *Chrysiobacterium scophthalmum* e *Raoutella ornithinolytica*. O gênero *Pseudomonas* foi observado em vários meios de cultivos e tratamentos. Este experimento comprovou que quanto maior o número de meios e tratamentos diferentes, maior será a obtenção de isolados que demonstrem a diversidade bacteriana presente na amostra.

Palavras-chave: culturômica, aulas práticas, MALDI-TOF.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

ATIVIDADE ANTAGONISTA DE ISOLADOS DE *Bacillus* sp. CONTRA FUNGOS FITOPATOGÊNICOS.

Daniel Vieira da Silva¹, João Paulo de Oliveira², Maria Luiza Abreu Nicoletto¹, Guilherme Gonçalves de Godoy¹, Gustavo Manoel Teixeira¹, Aline Ratuchne¹, Fauzze Guilherme de Mântova José³, Admilton Gonçalves de Oliveira Junior¹.

danielvieiradasilva23@gmail.com

1 – Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina.

2 – Universidade Tecnológica Federal do Paraná.

3 – Centro de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Londrina.

Os fungos fitopatogênicos são um dos principais responsáveis pela baixa produtividade nas lavouras, gerando necessidade de medidas de controle desses microrganismos. O controle biológico é uma alternativa para o manejo de doenças em plantas, apresentando boa eficácia e impactos reduzidos. O gênero *Bacillus* é de grande interesse para o desenvolvimento de produtos biológicos, apresentando mecanismos de controle contra diversos microrganismos. Neste trabalho, 21 isolados de *Bacillus* foram avaliados em relação a sua atividade antagonica contra os fungos *Botrytis cinerea*, *Colletotrichum truncatum*, *Rhizoctonia solani* e *Sclerotinia sclerotiorum* pelo ensaio de cultura dupla. O ensaio foi conduzido em placas de Petri com meio de cultura BDA, nas quais em uma extremidade foram inoculados os isolados de *Bacillus* e na outra foram inoculados spots (6 mm) dos fungos avaliados. As placas foram incubadas a 25 °C sob fotoperíodo de 12 horas até crescimento completo do fungo na placa de controle, composto apenas por inóculo fúngico. A partir da área de inibição obtida, foram determinados os Índices de Controle Micelial (ICM) em porcentagem (%). Como controle positivo foi utilizado a cepa *Bacillus velezensis* CMRP 4489. O experimento foi realizado três vezes em triplicata, e os resultados foram submetidos ao teste de comparação de médias de Scott-Knott ($p < 0,05$), utilizando o software RStudio. Os ICMs dos isolados variaram entre 29,2% e 39,9% para *S. sclerotiorum*, no qual os isolados L112, L119, L121, L126, L133, L145, L149, L170, L177, L179 e CMRP 4489 apresentaram os maiores valores. Para *B. cinerea* os ICMs variaram entre 45,4% e 57,8%, tendo os isolados L30, L114, L119, L133, L179 e CMRP 4489 apresentado os maiores valores. *C. truncatum* apresentou ICMs entre 67,5% e 96,2%, e *R. solani* 13,2% a 24,6%, no qual todos os isolados apresentaram ICM acima de 18,51%, com exceção da cepa L114 que apresentou resultado inferior. Os isolados L119, L133 e L179 apresentaram o maior ICM em todos os ensaios, com atividade similar à da cepa CMRP 4489, descrita como agente de controle biológico para fungos e licenciada para a produção de biofungicidas. Os resultados possibilitaram selecionar as linhagens de *Bacillus* sp. mais promissoras, com ampla capacidade de controle de crescimento micelial para os fungos fitopatogênicos avaliados, demonstrando o potencial dos isolados para o desenvolvimento de produtos biofungicidas.

Palavras-chave: PGPB; Controle Biológico; Bioprospecção.

Agência de fomento: CAPES, CNPq e Fundação Araucária.

COMUNIDADES DE LEVEDURAS ISOLADAS A PARTIR DE SEDIMENTO EM UM MANGUEZAL NO NORDESTE BRASILEIRO

Victor Tavares^{1*}, Aldeci dos Santos¹, Melissa Landell¹
^{*}tavaresvictor613@gmail.com

1 - Universidade Federal de Alagoas, Maceió, Brasil.

Os manguezais são ecossistemas singulares, que abrigam uma ampla comunidade microbiana composta principalmente por bactérias, fungos filamentosos e leveduras. As leveduras são fungos unicelulares que frequentemente têm sido reportados no manguezal devido sua importância ecológica. Assim, o objetivo foi avaliar a diversidade de leveduras de sedimentos de manguezais no estado de Alagoas, Brasil. Foram realizadas 4 coletas de sedimentos do manguezal do município Barra de Santo Antônio. Em todas as coletas foram aferidos e registrados os dados físico-químicos e microbiológicos. Foi realizada a identificação molecular mediante o sequenciamento da região D1/D2 do gene 26S rRNA. A partir das coletas foram obtidos 132 isolados (79% pertencem ao filo Ascomycota e 21% Basidiomycota). Foram identificadas 32 espécies de leveduras. As espécies mais frequentes foram *Candida pseudolambica* (27,3%), *Candida tropicalis* (20%) e *Papiliotrema laurentii* (9%) e *Rhodotorula mucilaginosa* (3%). As maiores abundâncias encontradas foram de *C. tropicalis* ($4,25 \times 10^3$ UFC/g) e *P. laurentii* ($1,6 \times 10^3$ UFC/g). A alta representatividade do filo Ascomycota é corroborada na literatura. Espécies pertencentes ao filo são cosmopolitas e presentes em ambientes extremos com temperaturas e salinidades variáveis. A prevalência do gênero *Candida* pode estar relacionada a sua capacidade em suportar ambientes extremos e com alta taxa de salinidade, além de sua capacidade em degradação de vários poluentes e metabolizar hidrocarbonetos aromáticos. A espécie *C. pseudolambica* tem sido relatada devido sua capacidade em degradar pesticidas e pelo crescimento em ambientes com pH reduzido. Já a espécie *C. tropicalis* é constantemente reportada por seu potencial biotecnológico, como na produção de biossurfactantes. Por fim, *P. laurentii* foi a espécie pertencente ao filo Basidiomycota mais frequente e a mais isolada de sedimentos de manguezais. Estudos recentes relatam *P. laurentii* com capacidade de hidrolisar e metabolizar revestimentos a base de poliéster. Através desses resultados, o estudo demonstrou que o filo Ascomycota foi mais representativo quando comparado com filo Basidiomycota. Além disso, as espécies *C. tropicalis* e *C. pseudolambica* foram mais frequentemente isoladas. Com este estudo foi possível ampliar o conhecimento acerca da comunidade de leveduras isoladas de manguezais, possibilitando novos estudos sobre o papel ecológico das leveduras neste ecossistema, bem como o potencial biotecnológico.

Palavras-chave: Ecótono; manguezal; fungos; *Candida tropicalis*.

Agência de fomento: CNPq; CAPES; FAPEAL.

PROSPECÇÃO DO POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE *Bacillus altitudinis* 1.4 ISOLADO DE UMA ÁREA ÚMIDA NA REGIÃO SUL DO BRASIL

Priscila Ribeiro Jankoski¹, Amanda de Souza da Motta²

priscilajankoski@gmail.com

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente (PPGMAA), Instituto de Ciências Básicas da Saúde (ICBS), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

Bactérias do gênero *Bacillus* são ubíquas na natureza e produtoras de diversos compostos bioativos, sendo cada vez mais utilizadas no setor agrícola. O objetivo deste estudo foi identificar o isolado bacteriano *Bacillus* sp. 1.4, em nível de espécie e estudar suas propriedades bioativas prospectando uma potencial aplicação. O isolado foi analisado através do sequenciamento do gene *16 S rRNA* e a substância antimicrobiana produzida por ele, foi extraída com butanol. Foram avaliados também, a produção de exopolissacarídeos, através do meio de cultivo Vermelho Congo e a presença de motilidade através do ensaio de swarming em meio Ágar Luria Bertani (Luria Bertani + 0,3% de ágar e 0,7%). Posteriormente, *Bacillus* sp. 1.4 foi avaliado quanto a capacidade de solubilizar fosfato, em meio de cultivo NBRIP suplementado com fosfato tricálcico. A coexistência entre *Bacillus* sp. 1.4 e *Bradyrhizobium japonicum* CT 00345 foi avaliada em placa, assim como a formação da produção de biofilmes, em temperatura ambiente. A partir da análise filogenética, o isolado foi identificado como provável *Bacillus altitudinis* 1.4. A substância antimicrobiana extraída com butanol inibiu as bactérias *Listeria monocytogenes* ATCC 7644 e *Bradyrhizobium japonicum* CT 00345 com halos de 12 e 13 mm, respectivamente, quando incubado a 30 °C. Na produção de exopolissacarídeo, *Bacillus altitudinis* 1.4 apresentou resultado negativo e na avaliação da motilidade através do ensaio de swarming observaram-se halos de 90 mm, em ambas as concentrações de ágar (0,3 e 0,7%) por até 72 h de incubação, além de ser capaz de solubilizar fosfato inorgânico, com índice de solubilização de 1,23. No ensaio de coexistência *Bacillus altitudinis* 1.4 e *Bradyrhizobium japonicum* CT 00345 cresceram associadamente, sendo também capazes de formar biofilmes em condições ambientais, em ambos os testes. Com base nos resultados encontrados e com novos testes a serem realizados, sugere-se que o isolado *Bacillus altitudinis* 1.4 poderá ser um candidato a promotor de crescimento de plantas.

Palavras-chave: *Bacillus altitudinis*; biofilmes microbianos; coexistência; solubilização do fosfato.

Agência de fomento: CAPES

DETECTION OF *optrA* AND *poxtA* GENES IN *Enterococcus casseliflavus* ISOLATES OBTAINED FROM BRAZILIAN WATER SOURCES

Lucas David Rodrigues dos Santos¹, João Pedro Rueda Furlan¹, Rafael da Silva Rosa¹, Micaela Santana Ramos¹, Eduardo Angelino Savazzi², Eliana Guedes Stehling^{1*}

Corresponding author: elianags@usp.br *

¹ Departamento de Análises Clínicas, Toxicológicas e Bromatológicas, Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

² Companhia Ambiental do Estado de São Paulo, Ribeirão Preto, São Paulo, Brasil.

In the last two decades, infections caused by the *Enterococcus* genus have increased significantly. Among the species belonging to this genus, *Enterococcus casseliflavus* has emerged as an important opportunistic pathogen associated with different nosocomial infections and multidrug-resistant isolates harboring antimicrobial resistance genes (ARGs) have been increasingly described. Linezolid is an antimicrobial used specially to treat infections caused by vancomycin-resistant enterococci, and the detection of linezolid-resistant *E. casseliflavus* isolates represents a challenge. In addition, linezolid resistance has only recently been studied in environmental samples. Accordingly, this study aimed to perform phenotypic and molecular characterization of linezolid-resistant *E. casseliflavus* isolates recovered from different water sources. As a result, 138 water samples were collected between 2020 and 2021 from different aquatic ecosystems belonging to 51 cities in the state of São Paulo, Brazil. For bacterial isolation, one liter of each water sample was filtered and added to plates containing Kanamycin Esculin Azide agar supplemented with 4 mg/L of linezolid. Antimicrobial susceptibility testing was performed using the disk diffusion method and the minimum inhibitory concentration (MIC) for linezolid and vancomycin was performed by broth microdilution method. Plasmid-mediated ARGs and virulence genes were screened by conventional polymerase chain reactions. In this regard, 180 *Enterococcus* spp. isolates were resistant to linezolid, and 15 of them were identified as *E. casseliflavus*. All *E. casseliflavus* isolates were resistant to at least four antimicrobials and showed MICs from 1 to 16 mg/L to linezolid and 1 to 64 mg/L to vancomycin. Among the plasmid-mediated linezolid genes investigated, *optrA* and *poxtA* were detected. Furthermore, other clinically relevant ARGs were also found, such as *fexA*, *fexB*, *ermA*, *ermB*, and *ermC*. Regarding virulence genes, *gelE*, *esp*, *ace* and *hyl* were identified. The presence of *optrA*- and *poxtA*-producing *E. casseliflavus* has not yet been described in water sources. Therefore, as far as we know, this is the first report of these genes in aquatic environments. In conclusion, the occurrence of linezolid resistance is unusual in *E. casseliflavus* and these findings contribute to the monitoring of linezolid resistance worldwide.

Keywords: *Enterococcus* species, *optrA*, *poxtA*, linezolid, Environment

Funding: This study was supported by FAPESP (2021/01655-7), CAPES (88887.519091/2020-00 and Finance Code 001), and CNPq (308914/2019-8, 130086/2021-5, 141016/2021-3, and 150712/2022-7).

IDENTIFICAÇÃO DE LIPOPEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS PRODUZIDOS POR *Bacillus* spp. COM POTENCIAL ATIVIDADE ANTIVIRAL

Henrique Ataide Isaia¹, Adriano Brandelli¹

henriqueisaia@yahoo.com.br

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Com o advento da COVID-19, o desenvolvimento de profilaxias e terapias antivirais tem se tornado cada vez mais uma necessidade mundial. A vacinação é a medida profilática antiviral de escolha, pois previne o surgimento de doença através do estímulo da imunidade do próprio indivíduo. Todavia, determinadas enfermidades virais ainda não são contempladas com vacinas, e em alguns casos, mesmo a vacinação não impede a evolução para quadros graves, sobretudo, em indivíduos vulneráveis, como idosos e imunossuprimidos. Nessas ocasiões, drogas antivirais são administradas como medidas terapêuticas com o propósito de minimizar os sintomas e conter o avanço da infecção. Dentre as classes de drogas antivirais, os inibidores de glicoproteínas de envelope bloqueiam a associação destas aos seus receptores na membrana celular, e impedem a invasão viral. Contudo, a grande diversidade de glicoproteínas existentes resulta na rápida capacidade de alguns vírus de sofrerem mutações, selecionando cepas resistentes, e reduzindo o espectro de ação desta classe de drogas. Bactérias do gênero *Bacillus* produzem surfactinas, iturinas e fengicinas, que constituem três famílias de lipopeptídeos que exibem ampla atividade antimicrobiana contra fungos, leveduras e bactérias. Alguns estudos sugerem que essas moléculas podem atuar como antivirais através da interação direta com a bicamada lipídica do envelope viral, impedindo a fusão e entrada do vírus. Nesse sentido, o propósito desse projeto foi investigar, através de RP-HPLC e espectrometria de massas, a síntese das três famílias de lipopeptídeos em quatro linhagens de *Bacillus* spp. isoladas da Bacia Amazônica. Os resultados preliminares revelaram a presença de íons precursores de relação massa/carga compatíveis à surfactinas, iturinas e fengicinas. No entanto, apenas alguns fragmentos das respectivas isoformas foram visualizados. A razão disso foi relacionada à baixa energia de colisão dispendida pelo espectrômetro. Dessa forma, é necessário ajustar os níveis de energia de modo que, os íons produto sejam gerados. Posteriormente, os potenciais profiláticos e terapêuticos, bem como a segurança da aplicabilidade, dos lipopeptídeos serão analisados em testes *in vitro* e *in vivo*.

Palavras-chave: Lipopeptídeos; *Bacillus*; Antiviral;

Agência de fomento: CAPES

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

PESQUISA DE ARBOVÍRUS EM MOSQUITOS SILVESTRES (DIPTERA: CULICIDAE) DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL.

Nícolas F. D. Müller¹, Jáder da C. Cardoso², Fabricio S. Campos¹, Aline A. S. Campos², Cláudia M. D. da Silva³, Lina M. V. Lozano¹, Alanis S. Melgarejo², Maria J. S. C. Ximenez¹, Thales de L. Bermann³, Marcelo de M. Lima², Ana C. Franco¹

E-mail: nicolas3286@gmail.com

1 – Laboratório de Virologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

2 – Divisão de Vigilância Ambiental em Saúde, Centro Estadual de Vigilância em Saúde, Secretaria Estadual de Saúde do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

3 – Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Centro Estadual de Vigilância em Saúde, Secretaria Estadual de Saúde do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil

Arbovírus (vírus transmitidos por artrópodes) são vírus de RNA mantidos em ciclos complexos entre artrópodes hematófagos e vertebrados. Os mosquitos são insetos dípteros e os mais importantes vetores de arbovírus em todo o mundo. Considerando isso, o presente estudo tem como objetivo investigar a circulação de arbovírus a partir de mosquitos coletados no estado do Rio Grande do Sul. As coletas ocorreram entre fevereiro de 2021 até janeiro de 2022, nas estações de primavera e verão. Em todas as ocasiões mosquitos adultos foram capturados, com puçás entomológicos e aspiradores manuais, durante o dia (9h-16h) por diferentes períodos de tempo dependendo das condições de coleta. Em algumas localidades mosquitos adultos também foram coletados usando armadilhas BG-Pro, iscadas com uma fonte de dióxido de carbono (CO²) e uma unidade de atrativo artificial. Foram instaladas cinco destas armadilhas por área, e permaneceram em funcionamento durante 24h. Após a coleta, os insetos foram transferidos para tubos criogênicos e colocados em galões carregados com gelo seco. Foram mantidos nessas condições de congelamento durante o transporte até o laboratório, onde foram armazenados em freezer a -80°C até o momento da identificação. Os mosquitos foram identificados, sob estereomicroscópio em uma mesa fria à -20°C e agrupados em *pools* (≤10 indivíduos cada) de acordo com espécie, local de amostragem e data de coleta. Os *pools* foram homogeneizados em meio de cultura L-15 usando o homogeneizador de tecidos em tubos com esferas de vidro. Os tubos com o triturado foram centrifugados em centrífuga refrigerada, uma parte do sobrenadante foi retirada para extração do material genético, o restante foi congelado em freezer -80°C. A extração de RNA foi realizada seguindo as instruções do fabricante em extrator automático. Até o momento foram extraídos 80 pools de mosquitos, formados por 523 indivíduos com riqueza de 13 *taxa*. As espécies mais abundantes foram *Psorophora ferox* (39.4%), *Culex (Culex) spp.* (24.8%) e *Haemagogus leucocelaenus* (12.4%). Posteriormente, será feita reação da transcriptase reversa seguida de reação em cadeia da polimerase (RT-PCR) com primers e sondas Pan-flavivirus para detecção de vírus, seguido de sequenciamento nucleotídico para identificação específica das amostras positivas. A reação RT-PCR foi validada com amostras controle de Febre Amarela (CT = 24), Dengue Sorotipo 2 (CT = 4) e Zika (CT = 32).

Palavras-chave: *Flavivirus*; Vigilância entomológica;

MONITORING OF SARS-COV-2 IN PORTO ALEGRE'S SEWAGE SLUDGE.

João Pedro S. Wagner^{1,3}, Maria Fernanda Rech¹, Caroline Rigotto², Fabiana Horn¹

Email: jpwagner42@gmail.com

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul;

2 – Universidade Feevale;

3 – Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre;

Monitoring SARS-CoV-2 virus in the population is of great importance to assist governmental decision-making and to contain and mitigate damage caused by the COVID-19 epidemic. However, the scarcity of rapid tests and inputs for molecular diagnostic tests can make mass testing of the population unfeasible, especially during the peaks of contamination during the pandemic. A viable alternative is the detection and quantification of the virus in sewage networks, since SARS-CoV-2 is released into the feces of infected patients, including asymptomatic patients. Hence many countries have studied wastewater monitoring of SARS-CoV-2 as a secondary monitoring of the infection in the population. Knowing that coronaviruses have a greater affinity for solids compared to other non-enveloped viruses and that Brazil holds the largest park of upflow anaerobic sludge blanket digestion (UASB) reactors in the world, this work aimed to analyze the viral load in weekly sludge samples from the Serraria sewage treatment station, considered the most representative of the city of Porto Alegre. During the period of January to August of 2021, 32 sludge samples were analyzed by qRT-PCR. Thirty (93%) of them were positive for SARS-CoV-2 and copy numbers varied from 0.147 to 2.314 copies $\times 10^6$ / L. In wastewater samples from the same days, 31 (96%) were positive for SARS-CoV-2 and copy numbers varied from 0.058 to 3.014 copies $\times 10^6$ / L. For the identification of variants of concern (VoCs), 15 sludge samples (with lower cycle thresholds) were analysed for the presence of nine different mutations. All 15 samples tested were positive for the presence of the reference alleles and, since March 2021, mutations N501Y, E484K and K417T of the Gamma variant were identified. Mutations P681R and L452R, of the Delta variant, were detected since beginning of August 2021. This represents the first attempt to use sludge from a UASB reactor to monitor SARS-CoV-2 in a population. The viral loads in sludge reflected the weekly variation in the number of hospitalizations, but showed a two-week delay in relation to the number of new Covid-19 cases. Reducing such a delay will require an improvement in the methodology. On the other hand, we successfully identified known VoCs even in samples from periods with a low number of cases. The earlier identifications in the sludge of both the Gamma and Delta variants matched the predominance of these variants in Rio Grande do Sul as communicated by the weekly genomic bulletins from the State surveillance organ.

Palavras-chave: Sars-Cov-2; Sludge, Wastewater, Surveillance, Environmental Virology.

Agências de fomento: FAPERGS/MS/CNPq 08/2020 – PPSUS; CAPES (JPSW).

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE *Enterococcus* sp. EM AMOSTRAS CLOACAIS DE AVES MARINHAS TROPICAIS DO ARQUIPÉLAGO DOS ABROLHOS/BA, BRASIL

Raquel Rita Mocellin¹, Camila Coutinho dos Santos¹, Guilherme Tavares Nunes², Ana Paula Guedes Frazzon¹

(raquelrmocellin@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

2 – Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos (CECLIMAR), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Imbé, Rio Grande do Sul, Brasil.

Os impactos das atividades antrópicas afetam diretamente a fauna e flora silvestre, assim como os microrganismos. Recentemente, foi identificado nos recifes de corais do Parque Nacional Marinho dos Abrolhos, Bahia, metais pesados como cobre e arsênio. A ocorrência desses metais foi associada ao rompimento da barragem do Fundão, situada no Município de Mariana, Minas Gerais, ocorrido em 2015. Bactérias do gênero *Enterococcus* são membros da microbiota comensal do trato gastrointestinal de uma variedade de vertebrados e invertebrados, sendo também encontrada no solo, água, plantas e alimentos. Este gênero tem sido empregado como bioindicador ambiental, para avaliar o potencial de risco dos poluentes ambientais sobre a saúde humana e do ecossistema. Até o presente momento, não há estudos avaliando o impacto do rompimento da barragem de Fundão, através de uma perspectiva microbiológica. Para tanto, o presente estudo objetiva avaliar a presença de genes de tolerância a metais pesados (TMP), resistência aos antimicrobianos (RA) e fatores de virulência (FV) em enterococos isolados de cloacas de aves marinhas das espécies *Sula leucogaster* e *Phaethon aethereus* no Arquipélago dos Abrolhos. Dezesete suabes cloacais foram coletados, sendo onze de *S. leucogaster* e seis de *P. aethereus*. A partir dos suabes, foram isoladas bactérias com características presuntivas de *Enterococcus* spp. as quais foram identificadas pela técnica de Maldi-TOF. O perfil de suscetibilidade aos antimicrobianos foi avaliado pelo método de disco-difusão em ágar, e a detecção de genes de RA (*msrC*, *erm*), TMP (*arsA*, *merA* e *trcB*) e FV (*gelE*, *ace*, *esp*, *cylA* e *agg*) pela técnica de PCR. Como resultados preliminares, 170 enterococos foram identificados, sendo 79 pertencentes à espécie *E. casseliflavus*, 60 à *E. faecalis*, 21 à *E. hirae* e 10 à *E. faecium*. As cepas apresentaram suscetibilidade reduzidas para eritromicina (n=68; 40%), rifampicina (n=64; 37,7%), ciprofloxacina (n=27; 15,9%), norfloxacina (n=4; 2,3%) e nitrofurantoína (n=3; 1,8%). Das 68 cepas com perfil de suscetibilidade reduzida para eritromicina, 4 foram positivas para o gene *msrC*. Das 50 cepas avaliadas até o momento para os genes TMP, 27 amplificaram para *arsA_I*, que confere resistência ao Arsênio. Quanto à ocorrência dos fatores de virulência, 63 cepas amplificaram para o gene *gelE*. Como conclusões preliminares, a ocorrência de gene biomarcador de tolerância ao Arsênio nas cepas de enterococos isoladas demonstram os impactos das atividades antropogênicas sobre as aves e indiretamente sobre o Arquipélago dos Abrolhos.

Palavras-chave: aves marinhas, Abrolhos, bioindicador, *Enterococcus*; resistência.

Agência de fomento: CAPES e CNPq.

UTILIZAÇÃO DE INGREDIENTES ORGÂNICOS E CONVENCIONAIS NA PRODUÇÃO DE KOMBUCHA – ANÁLISE DA MICROBIOTA

Douglas Henrique Giovanella Rodrigues¹, Luana Lermen Becchi¹, Mônica Jachetti Maciel¹

dhgrodriques@universo.univates.br

1 – Universidade do Vale do Taquari - Univates

A incontável presença de bactérias no intestino humano compõe a comunicação “intestino-cérebro”. Desse modo, a ingestão de bactérias benéficas é de extrema importância para a manutenção da microbiota intestinal, através de probióticos, prebióticos ou mudanças nos hábitos alimentares. A ingestão desses componentes traz inúmeros benefícios como atividade antioxidante, antimicrobiana, além de melhora humoral. A kombucha, bebida obtida por meio da fermentação do chá adoçado de *Camellia sinensis*, pode contribuir com o aumento da microbiota benéfica. Este estudo tem como objetivo comparar diferentes microbiotas presentes nas formulações de kombucha produzida com ingredientes orgânicos e convencionais. Para as formulações fez-se o uso de 7 g de *Camellia sinensis in natura* (chá verde), 180 g de sacarose e água em temperaturas entre 70 e 80 °C, totalizando um volume de 2,2 litros. Esse chá permaneceu em infusão por um período de 10 a 15 minutos, sendo coado logo após. Para a fermentação 1 (F1) utilizou-se o chá em temperatura ambiente (± 25 °C), com 600 mL da cultura *starter* mais o SCOBY (*Symbiotic Culture of Bacteria and Yeast*). A F1 ocorreu em temperatura ambiente por 7 dias. Já para a fermentação 2 (F2), foi utilizado 2,2 L decorrentes da F1 em concomitância com 750 mL de suco de uva, essa fermentação foi realizada com o intuito de obter aromatização e carbonatação. A F2 foi mantida em temperatura ambiente por três dias. Essa mesma formulação foi preparada compondo as duas kombuchas, uma produzida com ingredientes convencionais e outra com orgânicos. A etapa da determinação da microbiota está sendo analisada por uma empresa terceirizada. O DNA dos microrganismos presentes nas bebidas será quantificado com espectrofotômetro Qubit. Será realizada a PCR *metabarcoding* com a amplificação da região V4 do 16S rRNA (bactérias) e ITS do rRNA (fungos). O sequenciamento será realizado usando-se a plataforma MiSeq. O método DADA2 será utilizado para inferir sequências biológicas verdadeiras, em formato FASTQ e as sequências serão importadas para o pipeline FROGS. As afiliações taxonômicas serão verificadas usando o banco de dados EzBiocloud para bactérias e UNITE para leveduras. Em decorrência deste estudo, espera-se determinar a microbiota presente na kombucha convencional e na produzida com ingredientes orgânicos, e verificar se o uso de agentes químicos (agrotóxicos) pode interferir na variedade dos microrganismos encontrados nas bebidas. Devido aos estudos *in vivo* de kombucha serem escassos no meio científico, resultados *in vitro* podem constituir evidências para os possíveis benefícios dessa bebida na microbiota intestinal.

Palavras-chave: Simbiose. SCOBY. Saúde. Bebida.

Agência de fomento: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

EFEITO DE EDTA, CLIOQUINOL E 8-HIDROXIQUINOLINA SOBRE FUNGOS DETERIOGÊNICOS DE COMBUSTÍVEIS (MISTURA B20)

Rodolfo K. C. Ribas¹; Alexandre M. Fuentesfria²; Saulo F. de Andrade²; Fátima M. Bento¹.

rodolfo.ribas@ufrgs.br

1. LABBIO - ICBS - DEMIP - UFRGS
2. Faculdade de Farmácia - UFRGS

O controle do crescimento microbiano durante a estocagem é uma das preocupações do setor de armazenamento e distribuição de combustíveis, pois pode comprometer a qualidade final dos produtos. O óleo diesel brasileiro, desde 2008 é uma mistura com biodiesel, e como formas de controle são sugeridos procedimentos como a drenagem da água dos tanques e uso de biocidas. Considerando a importância metabólica e a disponibilidade de Fe⁺⁺, tanto no meio mínimo mineral utilizado (microcosmos) quanto nos tanques de aço (condição real), a presença de moléculas microbianas quelantes de Fe⁺⁺ foi investigada. O objetivo deste trabalho foi avaliar o controle microbiano comparando o efeito sobre o equilíbrio iônico das células promovido pelo EDTA em comparação com clioquinol (CLQ) e 8-hidroxiquinolina (8HQ) a 1000 ppm sobre fungos deteriorogênicos de biodiesel e mistura B20. Foram realizados ensaios de estocagens simuladas em microcosmos utilizando 5 mL da mistura B20 e 5 mL de meio mineral Bushnell-Haas (BH) e inóculos com 10⁶ esporos/células mL⁻¹, dos fungos *Pseudallescheria boydii*, *Penicillium citrinum* e um inóculo não caracterizado oriundo do sedimento de tanque de biodiesel (Norma ASTM E1259) simulando um nível médio de contaminação microbiana, em triplicata, incubados a 30°C. A preparação da concentração de 1000 ppm dos antifúngicos foi calculada baseada nos resultados obtidos da avaliação da concentração mínima inibitória (CMI), realizada em condições ótimas para o crescimento microbiano. Após 1, 2, 3, 7, 14, 21 e 28 dias foram inoculados 5µL da fase aquosa em meio PCA e Ágar Cromo Azurol S (ágar CAS) para verificar a viabilidade dos inóculos e de moléculas sideróforas (quelantes de ferro), respectivamente. Após 28 dias de incubação a biomassa final de cada microcosmo dos tratamentos com 1000 ppm de EDTA, CLQ ou 8HQ foi pesada. A biomassa final de todos os fungos com os antifúngicos na concentração de 1000 ppm foi 40% menor do que na condição controle. Embora os resultados de CMI dos antifúngicos tenham indicado atividade fungicida a 1000 ppm, nas condições próximas a estocagem (microcosmos) não foi observada a inviabilidade dos microrganismos, sugerindo um efeito fungistático. Nenhum dos tratamentos indicou presença de sideróforos. Os resultados indicaram atividade fungistática dos antifúngicos testados, CLQ e 8HQ, a 1000 ppm na mistura B20. No entanto, houve estímulo do crescimento de *P. boydii* na presença de EDTA, indicando seu potencial de crescimento mesmo na presença de quelantes e sob escassez de micronutrientes como Ferro, Cálcio e Magnésio.

Palavras-chave: mistura diesel-biodiesel; Clioquinol; 8-Hidroxiquinolina; Quelantes.

Agências de Fomento: CAPES

Modalidade Biotecnologia

Realização



Patrocínio



Apoio



BUSCA POR SUBSTÂNCIAS ANTIMICROBIANAS PRODUZIDAS POR FUNGOS FILAMENTOSOS DO BAIXO RIO TAPAJÓS, PARÁ, BRASIL.

Vanessa dos Santos Bentes¹, Eveleise Samira Martins Canto¹

(sanyhb@outlook.com)

1 – Universidade Federal do Oeste do Pará - UFOPA.

Estudos em ambientes aquáticos amazônicos são incipientes no que se refere à investigação de compostos antimicrobianos, pois, são considerados locais pouco explorados. Este trabalho tem como finalidade avaliar qualitativamente o potencial antimicrobiano dos caldos metabólitos produzidos por fungos filamentosos isolados das águas da bacia do baixo Rio Tapajós, Pará, Brasil. A coleta foi realizada em oito pontos na bacia do baixo Rio Tapajós. Foram selecionados 15 fungos filamentosos: *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus* sp., *Talaromyces* sp., *Cladosporium* sp., *Acremonium* sp., *Cladosporium* sp., *Aspergillus* sp., *Mycelia sterilia*, *Paecilomyces* sp., *Penicillium* sp., *Colletotrichum* sp., *Aspergillus* sp., *Fusarium* sp., *Curvularia* sp., e *Penicillium* sp. que foram submetidos a fermentação em Caldo Batata Dextrose (CBD: 120 g/l de batata, 10 g/l de dextrose) e incubados em condições estáticas, na ausência de luz e em temperatura ambiente (~ 30°C), após 15 dias foram filtrados os caldos metabólitos brutos. As cepas testes utilizadas e seus respectivos controles positivos foram: *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 (Ceftriaxona 30 µg), *Escherichia coli* ATCC 25922 (Amoxicilina 10 µg) e *Candida albicans* ATCC 60193 (Fluconazol 25 µg), e os controles negativos foram os solventes de cada droga utilizada, segundo as normas da CLSI M27 A2 e M7 A6. O método utilizado para avaliação da atividade antimicrobiana foi por difusão em poços, sendo adicionadas alíquotas de 100 µL do filtrado, 50µL do controle positivo e 100 µL do controle negativo frente as cepas testes inoculadas em placas de Petri. Quatro táxons demonstraram capacidade de inibir o crescimento de pelo menos uma das cepas ATCC testadas. *Aspergillus fumigatus* considerado um oportunista, se destacou por apresentar ação antimicrobiana para as três cepas, sendo que para *C. albicans* ATCC 60193 demonstrou atividade fungistática, pesquisas com este gênero evidenciam diversas atividades, sendo um gênero com aproximadamente 180 espécies fúngicas produtoras de compostos de interesse comercial. Os gêneros *Paecilomyces* sp. e *Penicillium* sp.1 e sp.2, obtiveram ação antimicrobiana somente contra a cepa *S. aureus* ATCC 25923 com halos de 24 mm e 20 mm, respectivamente. *Fusarium* sp. apresentou atividade contra *C. albicans* ATCC 60193 (21 mm) e *S. aureus* ATCC 25923 (18 mm) estudos mostram que seu principal composto antimicrobiano é derivado do ácido tetrâmico. Diante disso, fungos isolados de ambientes de água doce podem apresentar microbiota produtora de substâncias com atividade antibiótica e antifúngica, que podem auxiliar no desenvolvimento de novos fármacos para serem alternativas importantes no tratamento de doenças infecciosas atuais.

Palavras-chave: Fungos de água doce; Prospecção; Substâncias biotecnológicas; Caldo bruto.

Agência de fomento: Fundação Amazônia de Amparo à Pesquisa e Estudos – FAPESPA.

PRODUÇÃO DE ÁCIDO LÁTICO POR *LACTIPLANTIBACILLUS PLANTARUM* PELA CASCA DA SOJA

Isabela Raymann Scherer¹, Daniele Rossi Misturini²

(isabelascherer@gmail.com)

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Devido a crescente preocupação mundial com a sustentabilidade, a utilização de biomassa de resíduos agroindustriais se apresenta como uma boa oportunidade de pesquisa, pois proporciona a redução de impactos ambientais causados por esses resíduos. O objetivo do trabalho consiste na conversão biotecnológica de resíduos agroindustriais para a produção de ácido lático. A biomassa utilizada no trabalho foi a casca da soja, a qual passou por um processo de pré-tratamento com ácido diluído (1% m/v) para solubilizar as frações de hemicelulose e lignina presentes. O microrganismo utilizado foi *Lactiplantibacillus plantarum*, que faz parte do estoque de culturas do BiotecLab (UFRGS). Para avaliar a possível utilização dos açúcares presentes no hidrolisado pelos microrganismos, foi realizado primeiramente um experimento em meio MRS modificado, contendo: xilose (5 g.L⁻¹), arabinose (5 g.L⁻¹), e glicose (5 g.L⁻¹) a fim de simular os açúcares que estão presentes após o processo de hidrólise ácida. O inóculo foi realizado em meio MRS líquido que cresceu overnight a 37°C, 180 rpm. Após, o meio de cultura foi centrifugado por 15 minutos, a 4 °C e 3000 ×g, as células centrifugadas foram diluídas em MRS estéril e padronizadas a densidade óptica 1,0 (600 nm). *L. plantarum* foi inoculado a 5% de volume de trabalho. Pode-se verificar que houve o consumo total da glicose presente no meio e os fatores de conversão ($Y_{P/S}$) foram de valor de 0,42 g.g⁻¹ e produtividade de 0,15 g.L⁻¹.h⁻¹. O consumo para xilose e arabinose foram 9,5% e 6,5%, respectivamente. Os testes com o hidrolisado de casca de soja foram realizados nas mesmas condições do ensaio em MRS modificado. Pode-se verificar que os fatores de conversão ($Y_{P/S}$) foram 0,77 g.g⁻¹ e, para produtividade, Q= 0,20 g.L⁻¹.h⁻¹. Quanto ao consumo de açúcares, houve consumo de 45,2% de xilose e 6,78% de arabinose, resultado superior ao meio sintético. Estes resultados mostraram-se promissores, considerando que o hidrolisado de casca de soja possui uma quantidade considerável de xilose, *L. plantarum* conseguiu utilizar boa parte da xilose, já o consumo de arabinose foi baixo, como havia sido observado com o meio sintético. Isso pode ocorrer devido à repressão catabólica da glicose. Em suma, a fermentação do hidrolisado de casca de soja resultou em concentração razoável de ácido lático ao fim do processo, mostrando que estes resultados podem ser melhorados nas etapas subsequentes de otimização.

Palavras chave: fermentação; ácido lático; biomassa; resíduos agroindustriais.

Agência de fomento: FAPERGS

CARACTERIZAÇÃO DO SORO DE LEITE DE BÚFALA COMO FONTE DE BACTÉRIAS LÁCTICAS COM POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO

Andréia Monique Lermen¹, Adriano Brandelli¹, Amanda de Souza da Motta¹

(andreiamoniquelermen@hotmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O soro de leite é alvo de estudos devido ao seu alto valor nutricional e potencial poluente. Além disso, o soro de leite possui microrganismos, que podem ser isolados, caracterizados e analisados quanto as suas propriedades tecnológicas e funcionais. Neste contexto, este estudo visou a avaliação das propriedades do soro de leite de búfala e o estudo deste como fonte de bactérias lácticas (BAL) com potencial biotecnológico. A coleta de leite de búfala foi realizada entre os meses de julho a outubro de 2021, na Estação Experimental Agronômica da UFRGS, sendo transportado sob refrigeração ao laboratório de microbiologia, onde o soro de leite foi obtido e teve suas propriedades físico-químicas e microbiológicas caracterizadas. Para contagem e isolamento das BAL foram realizados cultivos nos meios seletivos, Man Rogosa e Sharpe (MRS) e M17. Os isolados foram identificados por MALDI-TOF e avaliou-se a atividade enzimática, inocuidade e atividade antimicrobiana frente a *Escherichia coli* ATCC 10536, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853, *Listeria monocytogenes* ATCC 7644 e *Staphylococcus aureus* ATCC 25923. Os resultados demonstraram que o soro de leite de búfala apresentou 3,27% de umidade, 0,975 °D de acidez, pH a 6,59, 76,88% de lactose e 12,82% de proteína. Foi observada ausência de *L. monocytogenes* e *Salmonella* sp. A contagem de coliformes totais e *Staphylococcus* coagulase positiva foi abaixo do que preconiza a Instrução Normativa N° 80/2020, o que demonstra que as boas práticas agropecuárias foram realizadas durante a ordenha. Ainda, a contagem de BAL através dos meios de cultivo MRS e M17 foi de $8,75 \times 10^6$ e $6,07 \times 10^7$ em aerobiose e, $8,17 \times 10^6$ e $5,67 \times 10^7$ em anaerobiose, respectivamente. Foram isoladas 62 colônias que demonstraram ser gram-positiva e catalase negativa, características de uma BAL. Na identificação por MALDI-TOF-MS, 1,61% foram identificados como *Lacticaseibacillus paracasei*, 4,84% como *Enterococcus faecium* e 93,55% como *Lactococcus lactis*. Das 62 BAL avaliadas, 98,38% demonstraram-se proteolíticas, 83,87% lipolíticas e nenhuma produtora de lecitinase. As BAL (69,35%) demonstraram atividade antimicrobiana contra as bactérias patogênicas gram-positivas testadas (*L. monocytogenes* ATCC 7644 e *S. aureus* ATCC 25923), e 29 BAL foram consideradas inócuas. Diante disso, foi possível identificar as propriedades do soro de leite de búfala e isolar BAL com potencial de estudos em bioprocessos e prospecção do potencial funcional.

Palavras-chave: Análise microbiológica; Bactérias lácticas; Enzimas; Soro de leite.

Agência de fomento: CAPES.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Potencial biotecnológico de leveduras provenientes de bromélias da Caatinga alagoana

Bruno Nascimento¹, Ciro Félix^{1,2}, Melissa Landell¹

(bruno30082001@gmail.com)

1 – Universidade Federal de Alagoas, Maceió, Brasil.

2 – Programa de Pós-graduação em Diversidade Biológica e Conservação dos Trópicos, Maceió, Brasil.

Leveduras são fungos unicelulares cosmopolitas e presentes em diversos substratos, como a superfície foliar das plantas (filoplano). O bioma semi-árido Caatinga é exclusivamente brasileiro e apresenta características únicas. A maior área do seu território está localizada no nordeste brasileiro. Algumas linhagens de leveduras produzem pigmentos e enzimas, tais características conferem a possibilidade de resistir aos estresses ambientais do bioma e competir com mais facilidade no substrato. Estes micro-organismos são conhecidos por sua utilização para a produção de vinhos e pães. Com os avanços tecnológicos, as leveduras se destacam por atuarem na produção do biocombustível, bebidas fermentadas, na indústria alimentícia, produção de detergentes, entre outros. Enzimas extracelulares microbianas possuem papel ecológico fundamental na aquisição de nutrientes, porém, ao mesmo tempo são matéria prima biotecnológica eficiente e de natureza sustentável. Por exemplo, esterases são enzimas lipolíticas que hidrolisam ligações ésteres, podem ser utilizadas nas indústrias alimentícias para gerar aroma, sabor e na biotecnologia de óleos e gorduras. Por sua vez, proteases atuam na hidrólise das ligações peptídicas e são empregadas na produção de detergentes, medicamentos, queijos e modificação de sabores. Durante a fermentação, as leveduras transformam o açúcar em álcool e gás carbônico, esse processo é utilizado há milênios para produção de comida e bebida fermentada. Assim, avaliamos o potencial enzimático e fermentativo de 448 isolados de leveduras, isoladas a partir de 98 amostras de folhas de bromélias coletadas na Caatinga no estado de Alagoas. As atividades enzimáticas foram avaliadas através da formação do halo de hidrólise do substrato para avaliação de cinco enzimas extracelulares (esterase, lipase, protease, amilase e pectinase). Também avaliamos a capacidade destes isolados de fermentar glicose. Dos isolados testados, 42,8% (n = 192) produziram enzimas extracelulares. Verificou-se que esterase e protease foram as enzimas mais produzidas pelas leveduras, respectivamente 36,6 e 25%, seguidas por amilase (15,8%), lipase (15,1%) e pectinase (4,2%). Cerca de 9% (n = 42) dos isolados fermentaram glicose. Dessa forma, em nosso estudo encontramos isolados de leveduras de bromélias da Caatinga com potencial biotecnológico, agregando valor e chamando a atenção para a importância da preservação deste bioma, carente de estudos acerca da biotecnologia de micro-organismos.

Palavras-chave: Nordeste, semi-árido; biotecnologia; enzimas; fermentação.

Agência de fomento: CNPq, CAPES, FAPEAL.

BIODESCOLORAÇÃO DE CORANTE TÊXTIL POR ISOLADOS BACTERIANOS PROVENIENTES DE DIFERENTES ORIGENS.

Giovana Santos de Gois¹, Ariane Izuhara dos Santos¹, Milena Medeiros Carneiro dos Santos¹, Isabela Cristina Bezerra¹, Giovanna Freitas da Silva¹, Bruna Marcela de Lima¹, Luana Karolyne Salomão de Almeida², Luciana Furlaneto-Maia³, Marcia Cristina Furlaneto², Luis Eduardo de Souza Gazal¹, Emanuele Julio Galvão de França¹.

(giovanasantosdegois@gmail.com)

- 1- Universidade Estadual do Norte do Paraná
- 2- Universidade Estadual de Londrina
- 3- Universidade Tecnológica Federal do Paraná

A indústria têxtil consome grandes quantidades de corantes e o excedente do processo de coloração pode provocar sérios impactos ambientais em decorrência de sua toxicidade. Consequentemente, o setor têxtil tem configurado como um dos principais contribuintes para a contaminação das águas a nível mundial. Isolados bacterianos provenientes de fontes seletivas, como efluentes têxteis e solos contaminados com resíduos têxteis, têm demonstrado boa performance na biodegradação de diversas classes de corantes. Este estudo teve por objetivo isolar bactérias de diferentes fontes e avaliar sua performance *in vitro* na biodescoloração do azo corante têxtil Azul Reativo BF 5G. No total foram avaliados 65 isolados bacterianos, sendo 25 provenientes de solo rico em matéria orgânica, 20 de corpos de água que recebem efluente têxtil e 20 de caixas de gordura domésticas. Para avaliação da descoloração do azul reativo BF 5G, os isolados foram cultivados a partir do estoque em caldo *Tryptic Soy Broth* (TSB) por 18 horas e uma concentração de aproximadamente 1×10^6 células.mL⁻¹ de cada cultura foi inoculada em 3 mL de caldo TSB acrescido de 50 mg.L⁻¹ do corante Azul Reativo BF-5G. As culturas foram incubadas a 35°C por 24 horas. Para a composição do controle foram empregadas as mesmas condições, exceto pela ausência de inóculo bacteriano. Inicialmente, a performance na descoloração foi avaliada visualmente, para categorização dos isolados como ótimos descolorantes (descoloração total, retornando à cor base do meio de cultivo), bons, médios, fracos ou muito fracos, de acordo com a graduação visual da descoloração. Todos os isolados apresentaram descoloração comparativamente ao controle, embora 43% tenham sido categorizados como fracos ou muito fracos. Um isolado de efluente (BN42), um de caixa de gordura (CG3) e dois de solo (L43 e L102) foram categorizados como bons descolorantes, enquanto apenas um isolado (L77), proveniente de solo, foi categorizado como ótimo descolorante. Os isolados BN42, CG3 e L77 foram selecionados para avaliação espectrofotométrica (599 nm) para determinação da porcentagem de descoloração promovida comparativamente ao controle. Foram realizadas três repetições desta avaliação. O isolado de solo L77 promoveu 95,5% de descoloração média, enquanto os isolados BN42 e CG3 promoveram 77,7 e 65,3%, respectivamente. Os dados demonstram que isolados bacterianos de diferentes origens podem apresentar atividade biodescolorante promissora.

Palavras-chave: Biorremediação, Azo corante, Azul Reativo BF 5G, Indústria Têxtil, Contaminação das águas

Agência de fomento: Fundação Araucária

PROSPECÇÃO DE LEVEDURAS ASSIMILADORAS DE XILOSE E GLICOSE NA MICROBIOTA DO INTESTINO DE LAGARTAS *SPODOPTERA FRUGIPERDA*

Maria Luíza Rodrigues Albarello^{1,2}, Leticia Milani³, Viviani Tadioto³, Anderson Giehl³, Angela Alves dos Santos², Boris Ugarte Stambuk^{1,2}, Sérgio Luiz Alves Jr^{1,3}

(lurphete@gmail.com)

¹ Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Biociências, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis/SC.

² Laboratório de Biologia Molecular e Biotecnologia de Leveduras, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis/SC.

³ Laboratório de Bioquímica de Leveduras, Campus Chapecó, Universidade Federal da Fronteira Sul, Chapecó/SC.

Embora o etanol se apresente como alternativa aos combustíveis fósseis, com o potencial de reduzir a emissão de gases do efeito estufa e o aquecimento global, a produção do biocombustível pode competir por espaços agrícolas com a produção de alimentos. Em contrapartida, tem-se hoje a possibilidade da produção de etanol de segunda geração (etanol 2G), produzido a partir de resíduos lignocelulósicos, que contêm glicose e xilose como principais componentes. No entanto, apesar de as leveduras brasileiras de usinas sucroalcooleiras fermentarem facilmente a glicose, a xilose não é metabolizada pelas células microbianas. Por essa razão, no presente trabalho, foram isoladas 46 linhagens de leveduras do intestino de lagartas herbívoras da espécie *Spodoptera frugiperda*, uma praga agrícola. Inicialmente, os isolados foram testados, em aerobiose plena, quanto a capacidade de consumo de glicose e xilose. Dentre essas 46 leveduras, 14 foram capazes de consumir mais de 90% desses açúcares em meio sintético mínimo, a 30°C, no intervalo de 48 h. Subsequentemente, essas linhagens de melhor desempenho foram submetidas a cultivos em microescala (100 µL) e microaerobiose, por meio de um delineamento composto central rotacional (DCCR), para avaliar os efeitos do estresse osmótico (sob diferentes concentrações de glicose e xilose) e do pH do meio na velocidade específica de crescimento e na produtividade de biomassa celular. Quatro leveduras se destacaram, dentre as demais, quanto às respostas analisadas. As células apresentaram dificuldade em metabolizar as fontes de carbono somente nos extremos de pH e concentração de açúcares. As análises das superfícies de resposta dessas cepas demonstram a sua preferência por valores médios de pH (~6,0) e açúcares (~50 g/L). Nessas condições os monossacarídeos testados foram consumidos em sua totalidade (> 95%) durante 30 h de cultivo. Os resultados obtidos demonstram o potencial biotecnológico da prospecção de leveduras no intestino de lagartas *S. frugiperda*, especialmente considerando o contexto de biorrefinarias de segunda geração, que utilizam resíduos lignocelulósicos como matéria-prima.

Palavras-chave: resíduos lignocelulósicos, leveduras selvagens, crescimento celular, etanol 2G.

Agência de fomento: CAPES

DESVENDANDO *Escherichia coli* PATOGÊNICAS AVIÁRIAS (APEC): O QUE A GENÔMICA COMPARATIVA DA CEPA BEN2908 TEM A DIZER SOBRE COLIBACILOSE AVIÁRIA

Tobias Weber Martins¹, Angelina Trotereau², Simone Iahnig Jacques¹, Maxime Branger², Raul Simon Batista¹, Sebastián Houle³, Charles M. Dozois³, Daniel Brisotto Pavanelo¹, Fabiana Horn¹, Catherine Schouler²

(webermartinst@gmail.com)

1 – Departamento de Biofísica, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil;

2 – INRAE, Université de Tours, ISP, F-37380, Nouzilly, France;

3 - INRS—Institut Armand-Frappier, Laval, Quebec, Canadá.

Escherichia coli patogênicas aviárias (APEC) causam infecções extraintestinais de sintomatologia variada em aves de criação, sendo responsáveis por grandes perdas econômicas na avicultura. A distinção entre uma *E. coli* comensal e uma patogênica extraintestinal ainda não está estabelecida, e diferentes cepas APEC apresentam características de virulência e interação com células aviárias distintas. Neste estudo, descrevemos a caracterização do genoma da cepa APEC BEN2908, isolada da traquéia de uma galinha com colisepticemia em 1982, na França. Usando programas de anotação (RAST), genômica comparativa (BRIG), agrupamento de genes ortólogos por homologia (Orthofinder) e scripts construídos em Python para analisar regiões específicas, fizemos uma análise comparativa entre o genoma da cepa BEN2908 e os das cepas APEC O1, IMT5155 e χ 7122, consideradas APECs-modelo, da cepa de *E. coli* aderente e invasiva LF82 e da *E. coli* comensal K-12 (MG1655). Os dados obtidos pelo BRIG revelaram 36 regiões presentes na cepa BEN2908 e ausentes em ao menos duas outras. As sequências codificantes identificadas pelos scripts e pela anotação do RAST nessas 36 regiões revelaram a presença de oito regiões relacionadas à presença de fagos, sete regiões contendo um ou mais genes relacionados ao metabolismo de açúcares, sete regiões relacionadas à utilização de ferro, seis regiões contendo genes de importância funcional (como o operon CRISPR/Cas e o cluster *wzx/wzy* de síntese do antígeno K), cinco regiões relacionadas a sistemas de secreção, cinco à adesão/invasão, três ao antígeno O (lipopolissacarídeo) e duas à produção de biofilme. Muitos dos genes encontrados nessas regiões ainda não foram descritos, como por exemplo três novos sistemas PTS (relacionados à captura de açúcares) e dois novos transportadores ABC. Além disso, o programa Orthofinder indicou genes da *E. coli* BEN2908 que não se encaixaram em nenhum grupo ortólogo, uma distinção evolutiva comparada às demais cepas. Dois deles, provenientes de uma das oito regiões de fagos, são o par *prpC* (uma fosfatase, provavelmente de resíduos de serina) e *prkC* (a cinase cognata), ainda não descritos em nenhum genoma de *E. coli*. Em *Bacillus subtilis* e *Staphylococcus aureus*, *prpC* desfosforilaria e *prkC* fosforilaria o fator de alongamento EF-TU, que por sua vez influenciaria a densidade bacteriana nas colônias. Os resultados *in silico* do genoma da cepa BEN2908 atestam a abrangência genotípica dessa cepa e poderão embasar ensaios fenotípicos para a melhor caracterização do patótipo APEC.

Palavras-chave: *E. coli*, APEC, genômica, Python

ESTUDO DA TOXICIDADE DE SAIS IMIDAZÓLICOS EM LINHAGEM CELULAR DE MOSQUITOS (DIPTERA:CULICIDAE)

Wellington Junior da Silva¹, Leonardo Francisco Diel², Harry Luiz Pilz-Júnior¹, Tarcísio de Freitas Milagres¹, Alessandra Bittencourt de Lemos¹, Marcelo Lazzaron Lamers², Lisiane Bernardi², Henri Stephan Schrekker³, Onilda Santos da Silva¹.

(wellingtonbxo@hotmail.com)

1- Setor de Parasitologia. Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia. Instituto de Ciências Básicas da Saúde. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

2- Laboratório de Migração Celular. Faculdade de Odontologia. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

3- Laboratório de Processos Tecnológicos e Catálise. Instituto de Química. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

Os mosquitos *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* (Díptera: Culicidae) são vetores de arbovírus causadores de doenças de importância em saúde pública, como dengue, zika e chikungunya. A principal forma de prevenção dessas doenças é o controle vetorial, seja através do manejo de criadouros ou, na grande maioria das vezes, com a utilização de produtos químicos ou biológicos. A seleção de mosquitos resistentes a vários produtos utilizados têm sido observada há décadas. Dessa forma, justifica-se a importância de pesquisas para o desenvolvimento de novos compostos. Nesse contexto, recentemente foi demonstrado que duas moléculas de sais imidazólicos (SI), (1-methyl-3-octadecylimidazolium chloride (C18MImCl) e 1-hexadecyl-3-methylimidazolium methanesulfonate (C16MImMeS) possuem atividade tóxica contra larvas de *Ae. aegypti*, as quais apresentam alterações macroscópicas pós-exposição. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi estudar o efeito tóxico do C18MImCl na linhagem C6/36 (CRL-1660™ ATCC) proveniente de larvas de *Ae. albopictus*. Foi feito o ensaio de viabilidade celular por sulforodamina B (SRB) e a análise estatística utilizando 2way ANOVA e posterior análise de comparações múltiplas de Tuckey. Cada poço foi tratado com 6×10^3 células, os tratamentos para análise de exposição em 24, 48 e 72 horas foram feitos em quadruplicatas e repetidos três vezes. As doses de C18MImCl utilizadas foram 0,00027 μ M, 0,0027 μ M, 0,027 μ M, 0,27 μ M, 1,35 μ M e 2,7 μ M. Como controle negativo foi usado o meio de cultivo DMEN, suplementado com 10% de soro fetal bovino, 1% de aminoácidos não essenciais e 1% de Penicilina. Peróxido de hidrogênio 10 μ M foi utilizado como controle positivo. A análise 2way ANOVA revelou que houve diferenças significativas entre a interação das dosagens e o tempo de exposição ($F(14, 48) = 2,991$, $gl = 14$, valor de $p = 0,0024$). Foi possível observar que a molécula apresentou efeito tóxico para a linhagem testada com diferenças significativas a partir de 0,027 μ M (valor de $p = 0,0043$). Os valores de CI 50% (concentração inibitória) em 24, 48 e 72 horas foram 0,019602 μ M, 0,00783 μ M e 0,006834 μ M, respectivamente. Em conclusão, após verificar o efeito do SI na linhagem celular C6/36, se expande a possibilidade da realização de ensaios *in vitro* para análise do mecanismo de ação desses compostos contra *Ae. aegypti* e *Ae. albopictus*.

Palavras-chave: cultura celular, controle de mosquitos, viabilidade, toxicidade.

Agências de fomento: FAPERGS pela chamada: Decit/SCTIE/MS-CNPq-FAPERGS No 08/2020 (Programa Pesquisa para o SUS: Gestão Compartilhada em Saúde PPSUS), SEBRAE/CNPq/FUNDEP/CATALISA-ICT e CAPES.

EVALUATION OF PROBIOTIC CHARACTERISTICS OF *Bacillus* sp. P45 THROUGH GENOMIC ANALYSIS

Carolini Esmeriz da Rosa¹, Cristian Mauricio Barreto Pinilla², Flávio Fonseca Veras³, Adriano Brandelli¹

(caroliniesmeriz@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular - UFRGS

2 – Centro de Tecnologia de Laticínios e Bactérias Lácticas (Tecnolat) - ITAL

3 – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Alimentos - UFRGS

Probiotics can be defined as live microorganisms that, when administered in adequate amounts, confer beneficial effects to the host. These effects can be mediated by the modulation of microbiota, and other associated mechanisms, such as increasing the epithelial barrier, inhibition of adhesion and competitive exclusion of microbial pathogens. Several bacterial groups have been investigated due to their probiotic properties, including species belonging to the genus *Bacillus*. A *Bacillus velezensis* strain (P45) isolated from the intestinal tract of Amazonian fish has probiotic potential due to its ability to produce antimicrobial compounds. This study aimed to determine the probiotic potential of *B. velezensis* P45 *in vitro* and searching for genes associated with probiotic traits such as those involved in the selenium metabolism, adhesion capacity, maintenance in the gastrointestinal tract capacity and antimicrobial activity. Thus, probiotic and safety properties such as non-hemolytic capacity, antibiogram, resistance to acidic conditions, production of antimicrobial compounds, determination of antioxidant capacity by ABTS•+, DPPH and iron chelation, self-aggregation, in addition to the evaluation of biofilm formation, were investigated. For the identification of genes associated with probiotic characteristics of P45 strain, the genome was annotated through the RAST server, followed by bioinformatics analysis in the antiSMASH software. As results, *B. velezensis* P45 was characterized as non-hemolytic, with the ability to grow and develop in an acidic medium (pH 4.0) as well as produce compounds with antioxidant capacity. The lipopeptides produced by the strain showed a bacterial inhibition ranging from 200 to 12,800 AU against 06 indicator microorganisms, including *Clostridium*, *Listeria* and *Salmonella* strains. In addition, the P45 strain was considered “sensitive” to all antibiotics tested (11) in the antibiogram assay. *B. velezensis* P45 showed values above 80% of auto-aggregation and formed biofilm after 6h cultivation. Data obtained from the genome revealed more than 10 genes related to adhesion and aggregation, 60 genes associated with vitamin biosynthesis, 56 genes involved in amino acid metabolism and 37 genes related to adaptive stress and adaptation to the gastrointestinal tract of the host. Based on these results, it was concluded that the strain P45 is a potential probiotic candidate. However, further studies will be conducted to determine other probiotic and safety characteristics.

Keywords: Probiotics, *Bacillus*, Antimicrobials, Gene mining.

Funding agency: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

ANÁLISE METAGENÔMICA DE UMA AMOSTRA DE CERVEJA ARTESANAL MISTA (GOSE SOUR BEER) SEQUENCIADA PELO MÉTODO SHOTGUN

Ana Carolina Humberto¹, Rene Aduan Júnior¹, Yara N.L.F. de Maria¹, David Aciole Barbosa¹, Daniela L. Jabes¹, Luiz R. Nunes³, Fabiano B. Menegidio^{1,2}

(fabianomenegidio@umc.br)

1 – Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

2 – Núcleo de Pesquisas Tecnológicas, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

3 – Centro de Ciências Naturais e Humanas, Universidade Federal do ABC, São Bernardo do Campo, SP, Brasil

A cerveja é uma bebida alcoólica consumida mundialmente e diferentes espécies de leveduras e bactérias podem fazer parte de seu processo de produção. Atualmente, no setor de cervejas artesanais há uma expansão no interesse de desenvolver produtos com sabores mais complexos através de diferentes métodos de fermentação mista. Contudo, apesar de se saber que a composição do microbioma encontrado em cervejas pode afetar suas qualidades organolépticas, a maioria dos cervejeiros não sabe exatamente quais microrganismos estão presentes em suas culturas mistas, bem como as proporções relativas deles em suas culturas iniciais. Neste contexto, a utilização de abordagens metagenômicas destaca-se como uma estratégia que permite melhor caracterizar a composição de microrganismos presentes em amostras de cerveja. No presente trabalho, buscamos caracterizar a comunidade microbiana de uma amostra de cerveja mista da categoria *Gose Sour Beer*, produzida artesanalmente e maturada em uma barrica de carvalho. A partir desta amostra, realizou-se a extração do DNA genômico total presente na bebida, que posteriormente foi sequenciado pela abordagem *shotgun*, gerando arquivos de sequenciamento *paired-end*. Averiguou-se a qualidade desses arquivos de dados brutos com as ferramentas FASTQC, MULTIQC e Fastp e em seguida o software Kaiju foi utilizado para efetuar anotações taxonômicas com os dados de sequenciamento pré-processados, sendo as classificações feitas com base no banco de dados proGenomes. Ademais, gráficos exibindo a distribuição taxonômica destes dados foram feitos com a ferramenta Krona. Do total de microrganismos identificados através destas anotações (1.071.356 sequências), 90% classificam-se como bactérias, 7% arqueas e 3% vírus. Os grupos taxonômicos mais representativos dentre as bactérias são Proteobacteria (38%), Firmicutes (19%) e Actinobacteria (12%); dentre as arqueas, os táxons Euryarchaeota (45%) e o grupo TACK (34%); e dentre os vírus, a maioria das sequências foram atribuídas a Bamfordvirae (74%) e Heunggongvirae (8%). Assim, com estes resultados é possível associar as qualidades organolépticas da cerveja analisada com a abundância de microrganismos nela encontrada. Visto que dados de viroma de cerveja são praticamente inexistentes na literatura atualmente, a identificação preditiva *in silico* dos vírus aqui detectados é inédita neste tipo de bebida e pode contribuir para melhor caracterizar o microbioma de cervejas em estudos posteriores.

Palavras-chave: Bioinformática; cerveja; metagenômica; *shotgun sequencing*.

Agência de fomento: O estudo foi financiado em partes pela Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de nível Superior Brasil CAPES (www.capes.gov.br) e Conselho Nacional de desenvolvimento científico e tecnológico CNPq (www.gov.br/cnpq/pt-br).

VALORIZATION OF FISHERY PROCESSING WASTE FOR COST-EFFECTIVE PRODUCTION OF BIOMASS AND BIOSURFACTANT BY *Mucor hiemalis* UCP 1309

Dayana Montero-Rodríguez¹, Rafael S. Mendonça², Everton R. C. Costa¹, Allem K. D. Silva¹, Luanna J. S. Melo¹, Adriana F. Souza¹, Ranilson S. Bezerra³, Rosileide F. S. Andrade¹, Galba M. C. Takaki¹

(dayanamontero87@gmail.com)

- 1 – Catholic University of Pernambuco.
- 2 – Federal Rural University of Pernambuco.
- 3 – Federal University of Pernambuco.

Worldwide fish consumption has been increasing in the last decades. Consequently, a significant amount of fishery processing waste (FPW) is discarded each year and improperly disposed of in the landfill and water streams, generating a high environmental impact. As these by-products are rich in nutrients, their utilization in biotechnological processes has been gaining attention. In this context, the use of FPW for biomass production by Mucorales fungi appears as an attractive strategy, since this is a promising source of microbial lipids and chitosan, biomolecules of high commercial interest. Furthermore, biosurfactants production using alternative substrates has been the focus of several researches due to the multi-functionality of these surface-active biocompounds. Hence, this study aimed to investigate the suitability of a FPW, in combination with waste soybean oil (WSO), as renewable substrates in the formulation of an inexpensive medium for fungal biomass and biosurfactant production by *Mucor hiemalis* UCP 1309. For this, production media were formulated using salt solution supplemented with FPW and WSO, according to a 2² full-factorial design (FFD). Fermentations were carried out at 28°C and 150 rpm for 96 h, and then, the cultures were subjected to filtration and centrifugation. Fungal biomass was frozen and subjected to lyophilization, and the dry weight was determined. Cell-free metabolic liquids were used to determinate surface and interfacial tension by the Du Noüy ring method. According to the results, the Mucoralean fungus showed ability to growth in all conditions containing FPW, achieving higher biomass yield (3.67 g/L) in condition 4 of FFD, at higher levels of both substrates. Promising biosurfactant production was evidenced in condition 2 of FFD (3% FPW), with 30.8 and 3.9 mN/m of surface and interfacial tension, respectively. Also, the statistical analysis demonstrated significant influence of concentration of both substrates in the production. These promising results confirm the feasibility of using FPW to support both fungal biomass and biosurfactant production, in order to achieve a cost-effective process and minimize environmental pollution.

Palavras-chave: Mucorales fungi, fish processing by-products, fungal biomass, microbial surfactant renewable substrates.

Agência de fomento: CAPES (PNPD fellowship, Process no. 88882.314590/2019-01), FACEPE and CNPq

BIOCONVERSÃO DE SUBSTRATOS RENOVÁVEIS COMO ALTERNATIVA PARA A BIOSÍNTESE DE PIGMENTOS POR ESPÉCIES DE *ASPERGILLUS* spp.

Uiara M. B. L. Lins¹, Renata A. dos Santos¹, Rafael de S. Mendonça¹, Allem K. D. da Silva², Dayana M. Rodriguez², Sérgio S. S. Dantas², Rosileide F. S. Andrade², Galba M. Campos-Takaki²

(uiaramaria@gmail.com)

1 – Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE

2 – Universidade Católica de Pernambuco - UNICAP

Pigmentos são substâncias coloridas utilizadas desde os primórdios da humanidade. Possuem grande aplicabilidade industrial principalmente nos ramos alimentício, farmacêutico e têxtil. A produção sintética é a mais comum, no entanto, causam problemas como toxicidade, reações alérgicas e carcinogenicidade limitando seu uso, o que aumenta o interesse do mercado por pigmentos naturais. A maioria dos pigmentos naturais com potencial para utilização industrial são de fonte vegetal que requer grandes áreas de plantio e longo tempo de cultivo. Nesse sentido, a busca por alternativas sustentáveis que gere impactos mínimos ao meio ambiente e a saúde humana vêm ganhando destaque. Sendo assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o potencial de fungos filamentosos do gênero *Aspergillus* spp. na produção de pigmentos em diferentes meios de produção. Um total de três espécies foram testadas: *A. niger* UCP 1064, *A. terreus* UCP 1276 e *A. flavus* UCP 0316, onde a produção de pigmento foi realizada em frascos de Erlenmeyers contendo 100 mL de meio sintético como controle constituído por base de sais, glicose e glutamato monossódico. Posteriormente, a fonte de carbono e nitrogênio do meio controle foram substituídas por fontes renováveis constituídas por resíduos agroindustriais e classificados como Meio modificado I (apenas manipueira), Meio modificado II (manipueira + amido solúvel), Meio modificado III (amido solúvel), Meio modificado IV (manipueira + milhocina), Meio modificado V (amido solúvel + milhocina), Meio modificado VI (casca de batata) sob condições de temperatura 28°C, pH 6,5, 180 rpm durante 7 dias. Os resultados demonstraram que os fungos filamentosos *A. flavus* UCP 1064 e *A. terreus* UCP 1276 produziram pigmentos alaranjados no Meio modificado III e IV respectivamente. O pigmento foi extraído, concentrado em rotaevaporador e liofilizado. O *A. terreus* UCP 1276 apresentou o maior desenvolvimento de biomassa micelial (12,7 g/L) e produziu pigmento intracelular e extracelular, enquanto o *A. flavus* UCP 0316 (3 g/L) produziu pigmento extracelular. Diante dos resultados obtidos pode-se verificar que a biossíntese de pigmentos por fungos do gênero *Aspergillus* através da bioconversão de substratos renováveis é viável e promissora, sendo necessária análises posteriores de caracterização dos pigmentos produzidos.

Palavras-chave: Biopigmentos, Fungos filamentosos, Fermentação, Substratos renováveis

Agência de fomento: CAPES (Processo N° 88887.703430/2022-00), CNPq e FACEPE

GENOMIC ANALYSIS OF A YEAST WITH POTENTIAL FOR BEER PRODUCTION, ISOLATION AN APIARY

Yara Natércia Lima Faustino de Maria¹, Ana Carolina Humberto¹, Ana Carolina de Oliveira Ramos Siqueira¹, David Aciole Barbosa¹, Rene Aduan Júnior¹, Daniela L. Jabes¹, Fabiano B. Menegidio^{1,2}, Luiz R. Nunes³

(nunes1212@gmail.com)

1 – Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

2 – Núcleo de Pesquisas Tecnológicas, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

3 – Centro de Ciências Naturais e Humanas, Universidade Federal do ABC, São Bernardo do Campo, SP, Brasil

Beer is the most popular alcoholic beverage worldwide. Therefore, the search for high quality beers, with unique characteristics, has been increasing in recent years. Thus, strategies aimed at improving beer production, as well as its sensorial characteristics, have become a priority for the brewing industry. Attempts to obtain products with more complex organoleptic properties have led brewers to experiment on using unconventional yeasts (that is, non-*Saccharomyces* species) in the brewing process, which can result in a new range of products. Thus, we isolated an unidentified yeast species (which we named *Apis*) from an apiary located in the city of Porto Feliz-SP. This yeast was initially employed in laboratory-scale fermentations, using malt extract. Interestingly, *Apis* cells displayed attenuation patterns compatible with those of a control brewing yeast (*S. cerevisiae* S33), but provided a mash with more pronounced sour taste. Thus, the objective of this work was to characterize the *Apis* yeast at the genomic level, as a way to gather information that could allowed us to unequivocally identify its taxonomic relationship with other yeasts and further explore its biotechnological potential. Initially, *Apis* cells were grown in modified YPD medium and visually characterized under an optical microscope. The *Apis* genome size was then estimated by flow cytometry, using a BD FACSCALIBUR 4C flow cytometer (BD®). Next, colony PCR tests were performed to verify the size of the ribosomal Internal Transcribed Spacer (ITS) in *Apis*, which was compared with those of ITS regions from other yeast species, obtained from GenBank. Finally, the *Apis* DNA was submitted to short-read Next Generation Sequencing (NGS), providing a draft genome for this apiary-isolated yeast. Altogether, the results obtained from the abovementioned analyses allowed us to identify *Apis* as a new isolate of *Wickerhamomyces anomalus*. Microorganisms from this species are of great interest to the food industry as biocontrol agents, given their potential to produce a wide range of Killer Toxins (KTs) and mycotoxins, which can prevent growth of several bacteria/fungi involved with food spoilage and/or pathogenicity, including the aflatoxin-producing fungus *Aspergillus flavus*. Detailed characterization of the genes encoding KT and mycotoxins from the *Apis* genome are currently underway.

KEYWORDS: *Wickerhamomyces anomalus*, beer, genomic, analysis

ACKNOWLEDGMENTS: This study was financed in part by scholarship grants from Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil – CAPES (www.capes.gov.br/) and Conselho Nacional de desenvolvimento científico e tecnológico - Brasil - CNPq (www.gov.br/cnpq/pt-br).

UTILIZAÇÃO BIOTECNOLÓGICA DO DO BAGAÇO DE MALTE EM BIOPROCESSOS

Andrei Weber Vieira¹, Débora Jung Luvizetto Faccin¹, Daniele Misturini Rossi¹

(daniele.misturini@ufrgs.br)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS, Brasil.

Os materiais lignocelulósicos compreendem resíduos provenientes de agroindústrias, florestas, tratamento de resíduos sólidos municipais, gramas perenes, entre outros. Grandes quantidades de resíduos lignocelulósicos são acumulados no meio ambiente decorrentes da produção agrícola e do beneficiamento de cereais, por exemplo. Com isso, a utilização de biomassa lignocelulósica como substrato em bioprocessos representa uma das alternativas mais promissoras. Dentre estes resíduos, encontram-se o bagaço de malte, resíduo oriundo da produção cervejeira, gerado na etapa de mosturação, o qual possui composição bem diversa, destacando-se: celulose (16,8 % - 20,6 %), hemicelulose (18,4 % - 28,4 %), lignina (9,9 % - 27,8 %), proteínas (15,3 %-26,6 %), extrativos (5,2 %-5,8 %) e cinzas (2,7 %-4,6 %). Desta forma, para tornar esses resíduos disponíveis para fermentação, são necessários pré-tratamentos a essa biomassa para a transformação em açúcares que possam ser utilizados por microrganismos. Com isso, o presente trabalho teve como objetivo analisar a produção de potenciais bioprodutos, como ácido láctico e 2,3-butanodiol via processos de bioconversão, utilizando microrganismos distintos. Neste estudo, um tratamento ácido diluído foi realizado no bagaço de malte, a fim de liberar os açúcares presentes, servindo como potencial fonte de carbono para os microrganismos estudados. O primeiro experimento de *screening* serviu para selecionar potenciais produtores dos bioprodutos de interesse, destacando-se nesta etapa, *Lactobacillus maltaromicus* e *Lactiplantibacillus plantarum*, os quais obtiveram maior consumo de açúcares presentes no meio e maior produção de ácido láctico. Os experimentos foram realizados em agitador orbital na condição de microaerofilia a 30°C e 150 rpm por 48 horas. Com *L. maltaromicus*, foi possível obter uma produtividade de 0,01 g. (L.h)⁻¹. Já, ao estudar a *L. plantarum*, foi possível obter produtividade maior para o ácido láctico de 0,06 g.(L.h)⁻¹. Não foi possível obter um consumo de xilose e arabinose pelos microrganismos, porém a *L. plantarum* demonstrou ser eficiente consumido mais de 70% da glicose presente no meio. Os resultados preliminares mostram que a produção de ácido láctico, após etapas de otimização, torna-se viável a partir deste resíduo.

Palavras-chave: (bagaço de malte, ácido láctico, biomassa lignocelulósica, bioprocessos)

COST-EFFECTIVE PRODUCTION OF BIOSURFACTANT BY *Absidia cylindrospora* var. *cylindrospora* UCP 1301

Rafael S. Mendonça¹, Dayana Montero-Rodríguez², Uiara Maria de Barros Lira Lins¹, Isabela N. S. Ferreira¹, Everton R. C. Costa², Allem K. D. Silva², Adriana F. Souza², Rosileide F. S. Andrade², Galba M. C. Takaki²

(rafa.13souza@hotmail.com)

1- Federal Rural University of Pernambuco.

2 - Catholic University of Pernambuco.

The increase in human activities and dependence on petrochemical products derived from fossil fuels has become one of the most complex problems today. Environmental pollution, such as oil spills, has impacted environmental and human health. One of the viable alternatives for the recovery of sites contaminated with hydrocarbons is the use of microbial surfactants (biosurfactants). However, the production of these biocompounds is still limited due to the high costs of conventional substrates and extraction methods. Therefore, a promising strategy is the use of alternative substrates as low-cost sources of carbon and nitrogen, as well as the use of less expensive solvents for the extraction of these biomolecules. In this context, this work aimed to investigate the production of biosurfactant by *Absidia cylindrospora* var. *cylindrospora* UCP 1301 using agro-industrial by-products and to evaluate different methods for biosurfactant recovery. Production media were formulated using a saline base supplemented with corn steep liquor (CSL), crude glycerol (GC) and whey, according to a 2³ full-factorial design (FFD). Fermentations were carried out at 150 rpm and 28°C for 96 h, and then, the cultures were filtered and centrifuged. The obtained cell-free metabolic liquid was used to determine the surface tension by the Du Noüy ring method. According to the results, *A. cylindrospora* var. *cylindrospora* UCP 1301 showed ability to reduce surface tension in all conditions of FFD, with the lowest value obtained in condition 4 (28.3 mN/m). The biosurfactant produced in this condition was subjected to different extraction methods, obtaining the highest yield with 70% ethanol (2.2 g/L) and surface tension of 29 mN/m after resuspension in distilled water. In addition, infrared analysis was performed and the functional groups identified indicated the lipopeptide nature of the biomolecule. The results obtained are promising for the large-scale production and commercialization of biosurfactants, and facilitate their application in various industrial and environmental processes.

Keywords: Microbial surfactant, Mucoralean fungus, alternative substrates, biosurfactant recovery methods

Agências de fomento: CAPES, FACEPE and CNPq

PRODUÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE KOMBUCHA SABORIZADA COM INFUSÃO DE *Ilex paraguariensis* A. St.- Hill.

Amanda Luisa Ströher¹, Luana Lermen Becchi¹, Mônica Jachetti Maciel¹

(amanda.stroher@universo.univates.br)

1– Universidade do Vale do Taquari, Univates.

O kombucha é uma bebida obtida pela fermentação da infusão do chá de *Camellia sinensis* L. Kuntze com açúcar, acrescida de uma Cultura Simbiótica de Bactérias e Leveduras (SCOBY). O SCOBY é formado por um biofilme de celulose, no qual encontram-se os microrganismos fermentadores. A origem do kombucha data de 220 a.C, na região nordeste da China, e é conhecida por possuir diversos compostos como ácidos orgânicos, aminoácidos, açúcares, minerais e fenóis, responsáveis por ações antioxidantes, antimicrobianas, anti-inflamatórias, entre outras. A erva-mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) é uma planta muito utilizada no Rio Grande do Sul para preparo de bebidas tradicionais. Suas propriedades estimulantes e de desintoxicação já são conhecidas e sabe-se que compostos fenólicos presentes conferem características antioxidantes, anti-inflamatórias e de proteção neurocardiovascular. Essa pesquisa objetiva desenvolver e caracterizar um kombucha orgânico saborizado com uma infusão de erva-mate. Os procedimentos metodológicos incluirão a análise do teor alcoólico, acidez volátil, pH, avaliação de compostos fenólicos, atividade antioxidante pelo método DPPH e sistema β carotenol/ácido linoléico, resíduo sólido, teor de proteínas e carboidratos e atividade antimicrobiana frente à *Streptococcus mutans*, *Staphylococcus aureus*, *Salmonella Typhimurium.*, *Escherichia coli*, *Helicobacter pylori*, *Bacillus cereus*, *Aspergillus flavus* e *Candida albicans*. Para a produção do kombucha, utilizaremos o SCOBY fornecido pelo projeto de pesquisa ao qual esse trabalho faz parte e chá verde orgânico adquirido de forma comercial. A saborização será produzida com erva-mate orgânica, fornecida por uma ervateira certificada. Ao final do desenvolvimento, pretende-se realizar análise sensorial com alunos, professores e funcionários da Univates, a fim de perceber a aceitação da bebida. Como resultados, acredita-se que o sabor e aroma da bebida serão mais amargos devido às características sensoriais do chá de erva-mate. O aspecto de coloração será semelhante ao kombucha tradicional e a bebida será bem aceita entre os consumidores e terá grande potencial de comercialização. Espera-se que o kombucha apresente atividade antimicrobiana contra os microrganismos testados e ação antioxidante, além de atender aos critérios dispostos na Instrução Normativa n° 41, de 2019, no MAPA.

Palavras-chave: Atividade antioxidante; Antimicrobianos; Erva-mate; Fermentação; Chá verde.

HIDROLISADOS DE PENAS COM POTENCIAL USO NA FORMULAÇÃO DE NANOESTRUTURAS DE QUERATINA

Naiara Jacinta Clerici¹, Daniel Joner Daroit², Adriano Brandelli¹

(naiaraj.clerici@gmail.com)

1 – Laboratório de Bioquímica e Microbiologia Aplicada, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre/RS.

2 – Laboratório de Microbiologia, Universidade Federal da Fronteira Sul (UFFS), *Campus Cerro Largo*/RS.

Diante das premissas ambientais e investigações biotecnológicas, a queratina presente em penas de frango, por exemplo, apresenta-se como uma importante proteína para a área de biomimética, visto que suas propriedades funcionais podem apresentar vantagens exclusivas no desenvolvimento de materiais inovadores. Neste estudo, objetivou-se investigar um bioprocessamento enzimático que possibilite a reciclagem de material queratinoso, convertendo-o em hidrolisados que acabam por atribuir especificidades aos peptídeos liberados durante o processo. Foi investigada a produção de proteases por *Bacillus* spp. (CL33A, CL18 e P45), utilizando diferentes concentrações de penas como fonte de queratina. Cultivos submersos em meio mineral contendo 10 g/L de penas foram realizados (30 °C, 125 rpm) por 7 dias (d). O melhor desempenho de produção de protease para cada bactéria foi selecionado, sendo 7 d para CL33, 5 d para CL18 e 3 d para P45. Subsequentemente, suspensões de penas (10 g/L) foram preparadas em tampão Tris-HCl (100 mM; pH 8,0) e a hidrólise iniciada pela adição da protease (4% v/v). Após incubação (50 °C) por 0-360 min (t₀, t₁₅, t₃₀, t₄₅, t₆₀, t₁₂₀, t₁₈₀, t₂₄₀, t₃₀₀ e t₃₆₀), as hidrólises foram finalizadas (100 °C; 15 min), os sobrenadantes (hidrolisados de penas) foram recuperados via centrifugação, e posteriormente avaliados quanto à concentração de proteínas solúveis pelo método de Lowry. A concentração inicial (t₀) de proteínas solúveis nos hidrolisados aumentou durante o tempo de hidrólise. Visando melhorar a eficiência do processo e a estabilidade da enzima, novas hidrólises foram executadas suplementando o tampão com CaCl₂ (10 mM). Hidrolisados produzidos com a protease P45 apresentaram maior concentração de proteína em t₃₀ (1,15 mg/mL) quando comparado ao t₀ (0,99 mg/mL), mas decaindo em t₃₆₀ (0,97 mg/mL). Os hidrolisados produzidos pela protease CL18 apresentaram aumento ao longo do tempo de hidrólise, de 0,90 mg/mL (t₀) a 1,07 mg/mL (t₃₆₀). Com o emprego da protease de CL33A averiguou-se constância entre t₁₂₀-t₃₀₀, atingindo 1,26 mg/mL em t₁₂₀, corroborando com a previsão de incremento da concentração de proteína solúvel durante a hidrólise. Indica-se a aplicação dos hidrolisados de penas na investigação e formulação de nanoestruturas de queratina, que são reportadas como um material de alto potencial para aplicações biológicas, entrega de medicamentos e aplicações biomédicas.

Palavras-chave: Enzima, Hidrolisados proteicos, Nanoestruturas, Queratina.

Agência de fomento: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior).

BACTÉRIAS ISOLADAS DE CUPINS: POTENCIAL ENZIMÁTICO PARA PRODUÇÃO DE BIOCOMBUSTÍVEL

Suzan Prado Fernandes Bernal¹, Caroline da Costa Silva Gonçalves¹, Michel Rodrigo Zambrano Passarini¹

(suzanfernandes1@hotmail.com)

1 – Laboratório de Biotecnologia Ambiental da Universidade Federal da Integração Latino-Americana – Unila. Programa de Pós-graduação em Energias e Sustentabilidade – PPGIES.

Os cupins da madeira são organismos potencialmente decompositores de materiais lignocelulósicos, prosperam em materiais vegetais mortos e contribuem para a mineralização de carbono. Os microrganismos que habitam o intestino destes insetos, podem produzir uma gama de enzimas de interesse biotecnológico, podendo ser empregadas em várias aplicações industriais, incluindo combustíveis, alimentos e papel. Assim, bactérias isoladas do intestino de cupins foram avaliadas quanto à produção de enzimas para geração de etanol de 2ª geração. A parte abdominal de 10 cupins, previamente limpas com etanol 70 %, foram colocadas em solução de NaCl 1%, sendo este material macerado. Cerca de 200 µL foram semeados em placas de Petri contendo meio Agar Nutriente. Após o isolamento, as bactérias foram submetidas a ensaios espectrofotométricos para a avaliação da atividade das enzimas lacase, lignina peroxidase (LiP), manganês peroxidase (MnP), celulase e xilanase, com utilização dos substratos e/ou kits comerciais, ácido 2,2'-azino-bis (3-etilbenzotiazolina-6-sulfônico (ABTS), álcool veratrílico 10 mM, sulfato de manganês 2 mM, endo-1,4-β-glucanase e endo-1,4-b-xylanase, respectivamente. Foram isoladas 20 bactérias, 9 isolados produziram celulase e xilanase sendo CPM6 e CPM3 os melhores produtores, atingindo 12,67 U mL⁻¹ e 9,56 U mL⁻¹, respectivamente. MnP foi produzida por 8 isolados sendo CPM2 o melhor produtor (1.737,27 U mL⁻¹). A produção de LiP foi observada em 6 bactérias, sendo o isolado CPM18 o maior produtor (1.863,79 U mL⁻¹). Apenas um isolado CPM3, foi capaz de produzir todas as enzimas, inclusive lacase (156,02 U mL⁻¹). Os dois melhores produtores enzimáticos foram identificados pelo sequenciamento do gene DNAr 16S, sendo *Bacillus subtilis* (CPM3) e *Priestia megaterium* (CPM18). *P. megaterium* é descrita na literatura como uma bactéria capaz de utilizar diferentes fontes de carbono e crescer em uma ampla faixa de temperatura (3 °C a 45 °C) o que a torna um micro-organismo com alto potencial industrial. O sistema simbiótico dos cupins é um recurso rico com alto potencial de novos genes e enzimas e seus microrganismos podem produzir enzimas úteis para remover ou modificar a lignina, celulose e a hemicelulose. Os resultados promissores deste trabalho abrem as portas para realização de novos testes, visando melhoramento da produção enzimática e aplicação dessas enzimas na degradação de biomassa, para produção de bioetanol de segunda geração.

Palavras-chave: Ligninases, celulase, xilanase, bactérias de cupins, etanol de 2ª geração

Agência de fomento: Fundação Araucária/CAPES

AValiação DA ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DO LIPOPEPTÍDEO P34 SOBRE *S taphylococcus aureus*

Lucas Bayer Brocker¹, Adriano Brandelli¹

(lucasbrocker.95@gmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS.

Staphylococcus aureus, reconhecido pela resistência a uma ampla gama de antibióticos, se configura, segundo o Ministério da Saúde, como o terceiro agente etiológico mais identificado em infecções de origem alimentar no país, explicitando a necessidade de estudos e elaboração de novos mecanismos de defesa frente a este potencial patógeno. Diante disso o objetivo desse trabalho é compreender os modos de ação do lipopeptídeo P34 sobre diferentes cepas de *S. aureus*. O lipopeptídeo P34 foi obtido a partir do sobrenadante do cultivo de *Bacillus velezensis* P34 em meio BHI. Realizou-se a avaliação da atividade antimicrobiana frente a diferentes cepas de *S. aureus* (ATCC 19095, ATCC 25923 e 10070), obtendo-se valores de inibição variando de 0 a 800 UA. A partir desses resultados, os demais testes foram realizados apenas com a cepa ATCC 19095. Avaliações de integridade da membrana celular e de motilidade em meio semissólido de *S. aureus* também foram realizadas. Os resultados indicam que não houve extravasamento do material intracelular, sugerindo que o mecanismo de ação do lipopeptídeo não envolve ruptura da parede bacteriana. Ao mesmo tempo, foi observada uma diminuição significativa da capacidade de mobilidade da cepa exposta ao lipopeptídeo em relação ao grupo controle. Avaliou-se ainda, a partir da absorbância em 600 nm, o crescimento de *S. aureus* em caldo BHI exposto a diferentes concentrações do lipopeptídeo (400/200/100/50 UA). Observou-se que a maior concentração conteve o crescimento do microrganismo por cerca de três horas, chegando ao final do experimento (t=6h) com um valor de absorbância 2,7 vezes menor que o controle (0,612/1,643). As demais concentrações apresentaram resultados semelhantes, contendo o crescimento do microrganismo por cerca de duas horas e alcançando uma absorbância final de $1,250 \pm 0,1$. Os resultados obtidos até o momento corroboram com estudos sobre a fengicina, um dos componentes do lipopeptídeo P34, e sua aparente interferência no quórum sensing de microrganismos, entretanto a ação/interferência dos demais componentes do lipopeptídeo podem estar associados aos resultados inferiores ao esperado. Diante do exposto novas análises devem ser realizadas a fim de esclarecer tais associações.

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus*; lipopeptídeo; antimicrobiano.

Agência de fomento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior- CAPES

PRODUÇÃO DE BIOSURFACTANTE POR *Penicillium citrinum* UCP 1183 UTILIZANDO RESÍDUO DA INDÚSTRIA DO PESCADO

Costa, E.R.C.¹, Rodríguez, D. M.^{1,2}, Melo, L.J.S.¹; Bezerra, R.S.², Campos-Takaki, G.M.¹, Andrade, R.F.S.¹
(everton.2020204204@unicap.br)

¹ Núcleo de Pesquisas em Ciências Ambientais e Biotecnologia, Universidade Católica De Pernambuco, UNICAP, Recife, Brasil

² Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco, UNICAP, Recife, Brasil

Biossurfactantes são moléculas anfipáticas de baixo peso molecular que podem ser produzidas por micro-organismos como bactérias e fungos de modo sustentável a partir de processos biotecnológicos utilizando resíduos. Por outro lado, a produção e consumo do pescado cresceu expressivamente, o que gera constantemente problemas relacionados à destinação dos resíduos gerados. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial do *Penicillium citrinum* UCP 1183 isolado de sedimento de mangue do Rio Formoso (PE) na produção do biossurfactante utilizando resíduo do pescado. Para a produção, o *Penicillium citrinum* foi crescido no meio sabouraud sólido durante 96 horas a 28°C até a obtenção do tapete micelial. Após, 20 discos de 8mm foram transferidos para o meio de produção contendo óleo pós-fritura e caldo do cozimento das vísceras de tilápia de acordo com as concentrações do planejamento fatorial de 2². O cultivo do *Penicillium citrinum* foi acompanhado durante 96 h em rotação de 150 rpm e temperatura a 28°C. subsequente, o líquido metabólico foi separado da biomassa por filtração usando fibra de nylon seguido da centrifugação. No líquido metabólico foi investigado a produção do biossurfactante pela determinação da tensão superficial e índice de emulsificação (IE₂₄). A análise do efeito das concentrações dos resíduos na produção do biossurfactante foi avaliado com nível de confiança acima de 95%. De acordo com os resultados obtidos, na condição 4 do planejamento (3% água do cozimento e 4% óleo pós fritura) o *Penicillium citrinum* mostrou ser capaz de produzir biossurfactante resultante da máxima redução da tensão superficial (36 mN/m) e elevado índice de emulsificação (90,4%). Portanto, o *Penicillium citrinum* UCP 1183, isolado de sedimento de mangue do Rio Formoso do estado de Pernambuco, mostrou-se eficaz na bioconversão dos resíduos da indústria do pescado para obtenção da molécula ativa de elevado interesse industrial (biossurfactante) e com elevado potencial de uso em substituição aos surfactantes químicos atualmente comercializados.

Palavras chave: Fungos, tensoativos, sustentabilidade, processos biotecnológicos

Agência de fomento: Este trabalho foi financiado pela FACEPE [Processo no. BIC-0231-22], pelo CNPq [Processo no. 314422/2018-8], UNICAP, e Núcleo de Pesquisas em Ciências Ambientais e Biotecnologia (NPCIAMB).

IDENTIFICAÇÃO DE COMPOSTOS BIOATIVOS DE MICRORGANISMOS ISOLADOS DO SAPHINO-ADMIRÁVEL-DE-BARRIGA-VERMELHA (*Melanophryniscus admirabilis*) CONTRA BACTÉRIAS DO GRUPO ESKAPE

Camila Coutinho dos Santos¹, Raquel Rita Mocellin¹, Julia Ienes Lima¹, Márcio Borges Martins², Ana Paula Guedes Frazzon¹

(camilacoutinho4@hotmail.com)

1- Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente. Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Rua Ramiro Barcelos, 2600 – Prédio 21116, Porto Alegre, RS, Brasil.

2- Laboratório de Herpetologia, Departamento de Zoologia, Instituto de Biociências. Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Av. Bento Gonçalves, 9500, Prédio 43435. CEP: 91.501-970. Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

A maioria das infecções as adquiridas no ambiente hospitalar são causadas por bactérias oportunistas do grupo ESKAPE, um acrônimo para que abrange espécies de microrganismos Gram-positivos e Gram-negativos, como *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, e *Enterobacter* spp. Estes patógenos são fatores de risco de mortalidade visto que seus isolados são multirresistentes e difíceis de serem tratados e controlados. A busca de novas estratégias antimicrobianas contra patógenos ESKAPE tem recebido muita atenção nos últimos anos. Entre estas novas estratégias estão os peptídeos antimicrobianos (PAMs). Os PAMs produzidos por organismos procariotos, com função atividade inibitória contra outras bactérias são denominados bacteriocinas. Os estudos sobre bacteriocinas tem mostrado um grande potencial dessas moléculas em substituir vários antibióticos no combate às superbactérias. No presente estudo foram testadas 23 cepas provenientes de da bacterioteca do laboratório 536, isoladas da superfície corpórea de *M. admirabilis*. Os microrganismos foram testados pela técnica de dupla camada. Como parâmetro a análise qualitativa utiliza, foi empregada a presença ou ausência de halos de inibição para definir se o microrganismo é capaz de inibir a bactéria indicadora *Listeria monocytogenes*. Das 23 cepas testadas, somente uma do gênero *Bacillus* apresentou halo de inibição frente a bactéria indicadora. Estudos complementares serão realizados para identificar o potencial inibitório desta bactéria contra as bactérias de interesse utilizando novamente o teste de dupla camada.

Palavras-chave: Bacteriocinas; Peptídeos Antimicrobianos; Teste de Dupla Camada

Agências de fomento: CAPES e CNPq

REAPROVEITAMENTO DE RESÍDUOS AGROINDUSTRIAS NA PRODUÇÃO SUSTENTÁVEL DE BIOMASSA OLEAGINOSA POR *Penicillium citrinum* UCP 1183

Allem K. D. Silva¹, Dayana Montero-Rodríguez¹, Rafael S. Mendonça², Everton R. C. Costa¹, Adriana F. Souza¹, Galba M. C. Takaki¹, Rosileide F. S. Andrade¹

(allemdino@gmail.com)

1 – Universidade Católica de Pernambuco.

2 – Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Os microrganismos oleaginosos podem produzir e acumular elevados níveis de lipídeos na biomassa, independentemente de sazonalidade, clima e sem utilizar grandes extensões de terra. Consequentemente, diversas pesquisas vêm sendo desenvolvidas visando à produção de óleos microbianos como alternativa promissora para a obtenção de biodiesel. No entanto, o elevado custo de produção, associado à baixa produtividade e ao uso de substratos caros, ainda limita a obtenção e comercialização em larga escala destes óleos. Nesse contexto, o reaproveitamento de resíduos agroindustriais na formulação de meios alternativos contribui na redução dos custos do processo e valoriza os nutrientes ainda disponíveis nesses substratos. Assim, o objetivo do presente estudo foi explorar o potencial de produção de biomassa e acumulação de lipídeos pelo fungo *Penicillium citrinum* UCP 1183, utilizando resíduos agroindustriais como substratos alternativos. O meio de produção foi formulado utilizando 5% de milhocina e soro de leite e inoculado com discos do micélio de *P. citrinum* previamente cultivado em placas de Ágar Sabouraud. A fermentação foi conduzida a 28°C e 150 rpm, durante 96 h, e após esse período, o meio foi submetido a filtração e centrifugação para separação da biomassa fúngica. A mesma foi lavada com água destilada, liofilizada e submetida a extração de lipídeos utilizando o sistema de solventes clorofórmio:metanol. Os resultados obtidos constatarem o excelente potencial de *P. citrinum* em utilizar as fontes alternativas de carbono e nitrogênio para a produção de biomassa fúngica, apresentando rendimento de 15,7 g/L. Ainda, foi verificada a acumulação de 26,75% de lipídeos, mostrando-se como um microrganismo oleaginoso promissor. Este trabalho confirma o reaproveitamento de resíduos como estratégia sustentável na obtenção de lipídeos microbianos, que possuem interesse comercial em diversos segmentos industriais, além de contribuir na diminuição dos problemas ambientais associados ao descarte inadequado de subprodutos da agroindústria.

Palavras-chave: Substratos alternativos, biomassa fúngica, lipídeos microbianos.

Agências de fomento: FACEPE (BIC-0046-2.12/22) CAPES e CNPq

AValiação de Estratégia de Cultivo da *Tetrademus obliquous* em Substratos Agroindustriais Renováveis.

Renata Andreia dos Santos¹, Uíara Maria de Barros Lira Lins¹, Ana Lúcia Figueiredo Porto¹, Galba M. Campos Takaki², Marcos Antônio Barbosa de Lima^{1,2}, Raquel Pedrosa Bezerra¹

(re_andreiasantos@hotmail.com)

1 – Universidade Federal Rural de Pernambuco

2 – Universidade Católica de Pernambuco

Tetrademus obliquous é uma microalga Chlorophyta da família Scenedesmaceae com diversas aplicações biotecnológica como energias renováveis (biocombustíveis de terceira geração), descontaminação água/ar e como produtos de grande potencial para as indústrias farmacêutica, cosmética e na agricultura; possui uma taxa de crescimento rápida e é extremamente resistente a condições adversas, possuindo assim características adequadas para produção em larga escala e aplicações ambientais emergentes. Estudos recentes mostraram que o potencial de *T. obliquous* para a produção em larga escala ainda não foi explorada. Dessa forma, cresce o interesse pela otimização do cultivo de microalga em substratos agroindustriais renováveis. Neste trabalho foi avaliado a importância de estudar estratégias sustentáveis de aprimoramento de técnicas de cultivo com substratos agroindustriais com parâmetros de crescimento em diferentes meios de cultura. Para isso, *T. obliquous* (A5F5402) foram cultivados em frascos de Erlenmeyer com aeração constante contendo meio padrão BG 11 (condição autotrófica) ou em meio alternativo constituído por meio padrão BG11, farelo de trigo (5%) e o OSPF (óleo de soja pós fritura) (5%) (condição mixotróficas). O crescimento celular da microalga *T. obliquous* foi determinado diariamente, por 10 dias, utilizando contagem de células. Os maiores parâmetros cinéticos de crescimento celular ($X_m = 398,027$ UFC/ml, $\mu_{max} = 0,13113$ d⁻¹, $P_x = 34,6284$ mgDM·L⁻¹·d⁻¹) foram obtidos no cultivo autotrófico, enquanto que no meio alternativo mixotrófico não foi possível observar o crescimento celular. Embora haja relatos na literatura sobre o crescimento mixotrófico de *T. obliquous*, o meio avaliado não proporcionou o crescimento celular. Desse modo, há necessidade de maior investigação sobre a concentração de farelo de trigo e/ou OSPF, bem como adaptação das células nas condições propostas. Assim, o aprimoramento de técnicas de cultivo de *T. obliquous* com diferentes substratos renováveis é um passo importante para a descobertas de cultivos que vão propiciar o melhoramento do crescimento da espécie.

Palavras-chave: *Tetrademus obliquous*, microalga, farelo de trigo, crescimento celular, substratos.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Possível aplicação de biossurfactante na indústria de cosméticos: ramnolipídios emulsionam óleo de açaí com ajuste de pH

Ingrid Yoshimura¹, Lucas Prado Leite¹, Jonas Contiero^{1,2}

(ingrid.yoshimura@unesp.br)

1 – Universidade Estadual Paulista (UNESP) câmpus Rio Claro

2 – Instituto de Pesquisa em Bioenergia (IPBEN) câmpus Rio Claro

Os biossurfactantes são metabólitos sintetizados por microrganismos que de auxiliam os mesmos em funções fisiológicas e de competição. São moléculas anfipáticas com atividades de superfície e capacidade de formação de micelas, tornando-os aplicáveis em diversos setores industriais. Apresentam as mesmas propriedades que surfactantes químicos, mas com maior biodegradabilidade, baixa toxicidade e estabilidade térmica. Dentre os biossurfactantes, um dos mais estudados são ramnolipídios (RL), sintetizados principalmente pela bactéria gram-negativa *Pseudomonas aeruginosa*. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a atividade de emulsificação (AE) do RL produzido por *P. aeruginosa* LBI 2A1. O óleo de açaí foi utilizado visando a aplicação do biossurfactante na indústria de cosméticos. Foi verificada a influência do pH (4-8), a adição de 5% do álcool propilenoglicol (PG) - coadjuvante presente em loções - e adição de RL 0,1% em soluções aquosas. Foram realizadas medidas de turbidez dessas soluções a 600nm. E em seguida as soluções foram agitadas com o mesmo volume de óleo para formação das emulsões. As mensurações ocorreram após 1, 2, 3, 10, 20 e 30 dias. Água ultrapura e PG 5% foram utilizados como controle e todos os ensaios foram realizados em triplicata. Os resultados de turbidez indicaram maior absorvância em pH menor e na presença de PG. O RL forma estruturas coloidais de maneira espontânea denominadas agregados e que podem encapsular compostos insolúveis. Uma maior absorvância pode indicar a maior formação em número de agregados (o que favorece a AE) ou agregados de tamanhos maiores (o que torna a emulsão menos estável). Nos experimentos de emulsificação, os tubos controle apresentaram AE 0%. Nos demais, a AE foi favorecida por soluções alcalinas e variou de 47-74%. Considerando o período de 30 dias, a adição do PG prejudicou a estabilidade do sistema quando o pH estava abaixo de 8, o que levou o sistema a coalescer. Já na ausência do PG, as emulsões foram consideradas estáveis em pH 6-8. Esses resultados demonstram que no teste de turbidez a alta absorvância estava relacionada a formação de agregados maiores, que não auxiliam a estabilidade da emulsão. Com isso, entende-se que a forma de agregação das moléculas de RL é influenciada pelo pH e pela adição do álcool PG. Nesse caso, as emulsões foram favorecidas e estáveis em soluções neutras a alcalinas indicando a potencialidade do RL ser aplicado em produtos cosméticos contendo óleo de açaí.

Palavras-chave: atividade de emulsificação, estabilidade, influência do pH, propilenoglicol, ramnolipídios.

Agência de fomento: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES), Código de Financiamento 001 e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelos processos 2020/06189-1 e 2017/22401-8.

A novel *E. coli* K-12 DH5 α strain platform for polyhydroxyalkanoate (PHA) production from sucrose.

Andrade, F.B¹; Barreto, J. A.¹; Lacôrte, M.V.M.S.¹; Gross, J.¹; Contiero, J¹.

(jonas.contiero@unesp.br)

¹Universidade Estadual de São Paulo “Júlio de Mesquita Filho”/ Instituto de Pesquisa em Bioenergia (IPBEN).

Some *E. coli* strains like EPEC and *E. coli* W (non-pathogenic) can metabolize sucrose by encoding the regulon *cscKBAR* genes. *cscR* gene is the regulon transcriptional repressor, therefore mutants' constructions exclude this gene. In the present study it was used the *E. coli* DH5 α strain with chromosomal integration of *cscBKA* by CRISPR/Cas9. However, *E. coli* strain cannot produce polyhydroxyalkanoate (PHA) that is an eco-friendly biopolymer with features similar to plastic. Some bacterial like *Pseudomonas* spp. and *Cupriavidus* spp. can produce PHA that is accumulated inside the bacterial, in some stress condition with carbon excess. Therefore, in the present study it was made a transformation using the operon *phaCAB* (encodes the necessary proteins for PHA biosynthesis) in the DH5 α with *cscBKA*, obtained a strain that produces PHA from sucrose metabolization. The objective of the present work is generated a *E. coli* that metabolize sucrose and produce PHA. The E2348/69 strain was applied as positive control for sucrose metabolization and *E. coli* W for metabolism comparison. The minimal M9 medium was used, supplemented with 1 or 2% sucrose or fructose and 0,001% of thiamine, 1% of trace minerals. The sugar absorption and acetate production were quantified by HPLC using the columns HPX87P or HPX87H. The CRISPR/Cas9 edition was made using the two-plasmid system, using a plasmid containing the operon *cscKAB* and the gRNA and another containing the *cas9* and the λ Red system recombinases. The electroporation transformation was made use the pBR1MC-2::*phaCAB*. The production of PHA was analyzed using Suddan Black after fermentation in bioreactor, by 96 h using the M9 minimal medium with 2% sucrose. The mutant DH5 α with the operon *cscBKA* was called DH5 α *cscBKAint* and the mutant that produces PHA was called DH5 α *cscBKAint*:: pBR1MC-2::*phaCAB*. DH5 α *cscBKAint* can metabolize sucrose better than E2348/69 strain, probably because of the *cscR* removal. The sucrose was not totally consumed, suggesting the absence of fructose absorption, although the quantification of fructose showed the opposite, the reason was the acetate production. DH5 α *cscBKAint*:: pBR1MC-2::*phaCAB* can produce PHA. The DH5 α *cscBKAint*. strain can metabolize sucrose. Culture using sucrose 2% was the best culture condition tested. It is necessary a future mutant(s) generation in acetate pathway. DH5 α *cscBKAint*::pBR1MC-2::*phaCAB* is a promising platform for the heterologous production of PHA.

Palavras-chave: *E. coli*; sucrose; polyhydroxyalkanoate; CRISPR-Cas9; eco-friendly.

Agência de fomento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

Modalidade Clínica

Realização



Patrocínio



Apoio



EXPERIÊNCIA DO DIAGNÓSTICO MOLECULAR DA COVID-19 NO INSTITUTO ADOLFO LUTZ DE PRESIDENTE PRUDENTE-SP

Erika Kushikawa Saeki¹, Esperdina Silva de Paula Foltran¹, Mariza Menezes Romão¹

1 - Centro de Laboratório Regional, Instituto Adolfo Lutz, Presidente Prudente, São Paulo, Brasil.
(erika.saeki@ial.sp.gov.br)

A Covid-19 é uma doença infecciosa causada pelo coronavírus SARS-CoV-2 que apresenta quadro clínico que varia de infecções assintomáticas ou leves a casos respiratórios graves. O teste recomendado pela Organização Mundial da Saúde e de referência para o diagnóstico laboratorial da Covid-19 é o teste molecular de reação em cadeia da polimerase (PCR) em tempo real que amplifica sequências do RNA do vírus, permitindo sua identificação. O objetivo deste trabalho foi descrever os resultados da implementação do diagnóstico molecular da Covid-19 no Centro de Laboratório Regional Instituto Adolfo Lutz de Presidente Prudente (CLR-IAL PP-V). Trata-se de um estudo observacional descritivo realizado no período de abril de 2020 a junho de 2022. A implementação do diagnóstico só foi possível a partir do “Termo de Cooperação que entre si celebram o Município de P. Prudente e o Ministério Público do Trabalho-PRT/15^o Região/PTM de P. Prudente, com anuência da Secretaria da Saúde do Estado de São Paulo”, que destinou recursos financeiros para a aquisição de equipamentos (termociclador para PCR em tempo real, capelas de PCR, centrífuga, bem como equipamentos para garantir a termo-estabilidade das amostras biológicas e ultrafreezers), insumos e adequação estrutural das salas disponíveis dentro do laboratório, incluindo os fluxos de circulação, a fim de evitar contaminação cruzada. O laboratório para o diagnóstico da Covid-19 foi inaugurado em 13 de agosto de 2020. Desde a sua implementação até junho de 2022 foram realizados mais de 113.000 exames de diagnóstico da Covid-19. Enquanto que em 2020, aproximadamente 30% das amostras recebidas foram analisadas; em 2022, o laboratório executou as análises de 95% do total de amostras recebidas. A realização deste exame no CLR IAL PP-V também foi importante quanto à redução do tempo de liberação dos resultados, que ficou em média geral de 1,2 dias entre 2020 a 2022, não ultrapassando 2,5 dias. Os resultados do presente estudo demonstraram a importância da atuação do Instituto Adolfo Lutz na prevenção, controle e vigilância laboratorial dos agravos de Saúde Pública, especialmente no controle da disseminação da pandemia na região de Presidente Prudente-SP. Conclui-se que o diagnóstico laboratorial rápido foi uma das estratégias mais eficientes no mundo para conter o avanço da disseminação do vírus SARS-CoV-2 para oferecer um diagnóstico rápido a população. Por isso, é importante que os avanços científicos e investimentos financeiros sejam constantemente aplicados aos sistemas de vigilância laboratorial.

Palavras-chave: coronavírus, *Coronavirus disease 2019* (COVID-19), diagnóstico molecular, pandemia, vigilância laboratorial.

Agência de fomento: Secretaria da Saúde do Estado de São Paulo

ATIVIDADE ANTIBACTERIANA E O DESENVOLVIMENTO DE RESISTÊNCIA BACTERIANA ÀS INFECÇÕES FÁGICAS APÓS EXPOSIÇÕES SUCESSIVAS A BACTERIÓFAGOS INÉDITOS

Letícia de Souza Moda Silva¹, Viviane de Cássia Oliveira¹, Rachel Maciel Monteiro¹, Tatiana Areas da Cruz², Evandro Watanabe¹

(lelesms2011@usp.br)

1 – Faculdade de Odontologia de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo

2 – Escola de Enfermagem de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo

A fagoterapia é uma alternativa promissora para o controle de bactérias resistentes aos antibióticos. Partindo desta premissa, a atividade antibacteriana e o desenvolvimento de resistência bacteriana às infecções fágicas, após exposições sucessivas (1^a, 2^a e 3^a exposições) a bacteriófagos inéditos e líticos (*vB_PaeM_USP_1*, *vB_PaeM_USP_2*, *vB_PaeM_USP_3*, *vB_PaeM_USP_18* e *vB_PaeM_USP_25*), foram avaliadas contra a cepa padrão de *Pseudomonas aeruginosa* (ATCC 27853). A área em contato com os bacteriófagos que apresentou crescimento ($\sim 10^8$ UFP/mL) foi coletada, e as cepas resistentes à infecção foram avaliadas quanto à suscetibilidade aos seguintes antibióticos: amicacina, cefepima, ceftazidima, ciprofloxacino, gentamicina, imipenem, levofloxacina, meropenem, piperacilina-tazobactam, por meio da técnica de disco difusão (*Clinical and Laboratory Standards Institute*). Um total de 14 coquetéis diferentes, compostos de 100 μ L de cada fago, foram empregados para avaliar a emergência de resistência à infecção por coquetel de bacteriófagos. Alíquotas de 20 μ L do coquetel ($\sim 10^8$ UFP/mL, $\sim 10^{10}$ UFP/mL e $\sim 10^{13}$ UFP/mL) foram gotejadas sobre a superfície do meio de triptico de soja semissólido inoculado com 10^6 UFC/mL de *P. aeruginosa* resistentes à infecção pelos fagos. As placas foram incubadas a 37°C por 24 horas. Decorrida a titulação, na 2^a exposição, o crescimento de colônias resistentes à infecção aos cinco bacteriófagos avaliados foi observado. As colônias isoladas e reexpostas aos bacteriófagos (3^a exposição) foram amplamente resistentes à infecção fágica, de modo que nenhuma placa de lise foi observada. No ensaio de suscetibilidade aos antibióticos, o desenvolvimento de resistência à infecção pelos bacteriófagos não alterou o perfil de susceptibilidade de *P. aeruginosa* aos antibióticos. Além disso, na avaliação da emergência de resistência à infecção por coquetel de bacteriófagos, a resistência à infecção foi confirmada devido ao crescimento de colônias bacterianas resistentes nos halos das placas. Em suma, as variantes de *P. aeruginosa* resistentes à infecção fágica foram isoladas após a primeira exposição aos fagos, bem como a resistência à infecção por coquetel de bacteriófagos foi evidenciada, independentemente do título viral utilizado. Assim, mesmo diante do surgimento de variantes bacterianas resistentes à infecção fágica, novos estudos envolvendo a aplicabilidade de bacteriófagos no controle de infecções devem ser conduzidos.

Palavras-chave: Bacteriófagos. Resistência Bacteriana. Antibióticos. Fagoterapia.

Agência de fomento: Pró-Reitoria de Pesquisa e Inovação da Universidade de São Paulo (Bolsa de Iniciação Científica concedida por meio do Edital de Projetos Integrados de Pesquisa em Áreas Estratégicas – PIPAE) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP (2018/09757-0; 2019/13271-9; 2020/03405-5; 2021/00510-5; 2022/01992-6).

SEROLOGICAL CROSS-REACTION BETWEEN DENV AND SARS-CoV-2 IN NORTHWESTERN PARANÁ, BRAZIL: A CASE REPORT

Léo Shigueki Sato¹, Deborah de Castro Moreira¹, Dennis Armando Bertolini¹

(sshiguekisato@gmail.com)

1 – Clinical Virology Laboratory, Department of Clinical Analysis and Biomedicine, State University of Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brazil

Dengue and COVID-19 share some similar clinical-laboratory characteristics, and it can make difficult the differential diagnosis between the diseases, especially in tropical countries where dengue is endemic, including Brazil. Rapid diagnostic tests (RDT) are employed as a rapid and convenience triage form, however, several cross-reactions between dengue virus (DENV) and SARS-CoV-2 have been reported. The aim of this study was describing a possible case of cross-reaction in dengue rapid assay with SARS-CoV-2. This study was approved by the Permanent Ethics Committee in Research of the State University of Maringá (Protocol nº 4.696.822), and the patient provided written informed consent to be enrolled in this study. A 42-year-old man with 14 days of symptoms onset, with contact history with his wife who was positive for SARS-CoV-2, was admitted to Regional University Hospital of Maringá (HUM) presenting continuous fever, as well as arthralgia, myalgia, and cough. His initial blood work showed lymphopenia ($520,4/\text{mm}^3$), lightly increased value of aspartate aminotransferase (AST, 69 U/L) and alanine aminotransferase (ALT, 60 U/L). Some other laboratory parameters, like D-dimer (606 ng/mL FEU), C reactive protein (6 mg/dL), and thorax computerized tomography were abnormal. Duplicate dengue rapid assay (Dengue Duo ECO teste, ECO Diagnóstica LTDA), performed 19 days after symptoms onset, were positive for anti-dengue IgM but negative for IgG. The same sample was submitted for anti-dengue IgM capture ELISA (Panbio™ Dengue IgM Capture ELISA, Abbott Diagnostics Korea Inc.) assay and RT-qPCR (BIOMOL ZDC), and showed negative results for both tests. Considering the positive results for SARS-CoV-2 antigen rapid assay and RT-qPCR (GENEXPERT-CEPHEID) in nasopharyngeal swab sample, we concluded the case as a probably cross-reaction of SARS-CoV-2 with dengue rapid assay. One other study suggested that the false-positive result can occur by the similarities between SARS-CoV-2 spike protein and the DENV envelope protein. This study supports possible cross-reaction between DENV and SARS-CoV-2 in dengue rapid assay, which can lead to misdiagnosis and cause concern for patient care.

Key words: DENV; SARS-CoV-2; Cross-reaction.

Development Agency: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) and Fundação Araucária.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

A COMPREHENSIVE MOLECULAR EPIDEMIOLOGY STUDY OF SARS-COV-2 VIRUS REVEALS AN INITIAL LOCAL TRANSMISSION OF THE DELTA VARIANT IN PORTO ALEGRE, SOUTHERN BRAZIL.

Vanise Pereira de Medeiros^{1,2}, Victória Borgmann Antonio de Souza², Henrique Leal de Oliveira², João Vitor Barboza Cardoso², Carolina Vaccari Batista², Amanda Muliterno Domingues³, Sara Hartke², Gabriela Pasqualim^{2,4}, Ilma Simoni Brum^{1,2,5}

vanisedemedeiros@gmail.com

1 Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas: Fisiologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

2 Laboratório de Biologia Molecular, Endócrina e Tumoral, Departamento de Fisiologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde.

3 Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas: Bioquímica, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

4 Laboratório de Genética, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande.

5 Programa de Pós-Graduação em Ginecologia e Obstetrícia, Faculdade de Medicina, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

The SARS-CoV-2 virus has rapidly evolved into variants of concern (VOCs) exhibiting increased transmissibility and immune evasion properties that contributed to outbreaks uncontrolled worldwide. In Brazil, the Gamma and Delta VOCs have established sustained local transmission throughout 2021. However, there are still significant gaps in our understanding of the transition of dominance from Gamma to Delta at the municipality level. Considering this situation, we conducted a comprehensive molecular epidemiology study, including genotyping, genomics, and phylogenetics, to identify and estimate the introduction and local transmission of Delta in Porto Alegre, southern Brazil. A total of 808 nasopharyngeal swab samples with previous molecular diagnosis of COVID-19 were randomly selected from June to November 2021, representing a median of 30% (IQR 9.8–44.2%) of positive samples analyzed in this study, and a median of 5.2% (IQR 1.4–13.0%) of positive cases reported in Porto Alegre. Genotyping of S:T20N and S:P681R, lineage-defining mutations respectively from Gamma and Delta, was performed with Taqman assays. The presence of Delta was identified in 619 samples; of these, 30 genomes were sequenced with the Ion AmpliSeq SARS-CoV-2 research panel. Temporal phylogenetic reconstructions were carried out in the Nextstrain pipeline with our samples and global sequences of AY.99.2 and AY.101 sublineages from the GISAID database (n=1,096). Results showed that Gamma was predominant in Porto Alegre in June (95.3%) when the first occurrence of Delta was identified. The prevalence of Delta increased progressively from July (31.7%) to October (97.6%), and in November, all samples were identified as Delta. Genomic sequences were classified as AY.99.2 (n=26), AY.98 (n=1), and AY.101 (n=3). The time-scaled phylogenetic tree showed a larger monophyletic subcluster associated with samples from the Porto Alegre metropolitan region (n=64), pointing to the first Delta sequence identified in this study (AY.99.2) as the likely common ancestral. This phenomenon of rapid replacement of variants by Delta is in accordance with reports from the different Brazilian States. Moreover, Delta sub-lineages described here were the most common circulating in Brazil during the analyzed timeframe. Finally, our data suggest that the AY.99.2 genotype was the first Delta strain introduced and later transmitted locally.

Keywords: SARS-CoV-2, variant of concern, Delta, epidemiology.

VERIFICAÇÃO DOS EFEITOS ANTISÉPTICOS APÓS O USO DE DIFERENTES ENXAGUANTES BUCAIS

Josiele Salet Tischer¹, Raquel Bordignon², Ana Luiza Terres da Rosa³, Juliana Pertussatti⁴
josiele@uceff.edu.br

O ecossistema bucal sofre mudanças fisiológicas a todo momento, tornando-o um ambiente microbiano muito heterogêneo. O presente estudo buscou quantificar e identificar os microrganismos presentes na cavidade oral, mais especificamente na saliva de 44 estudantes adultos, antes e após higienização e bochecho com os antissépticos Oral B[®], Sensodyne[®] e Clorexidina 0,12%, com o objetivo de avaliar a redução da carga microbiana. Foram coletadas amostras de saliva estimulada e não estimulada. A coleta de saliva estimulada foi realizada sem qualquer intervenção, apenas fazendo o uso de goma de mascar. A coleta de saliva não estimulada foi realizada após prática de higiene bucal e bochecho durante 30 segundos sem posterior enxágue. A técnica utilizada para inoculação foi *spread plate* com esgotamento total em ágar, coletando 25µL de amostra de saliva, utilizando pipetadores automáticos. Foram isolados 35 bastonetes Gram negativos (BGN), 44 cocos Gram positivos (*S.aureus*) e 22 cocos Gram positivos (*S. mutans*). As contagens microbianas apresentaram redução bacteriana em função do uso dos enxaguantes associado à prática do bochecho e higienização.

O enxaguante bucal Sensodyne[®] promoveu redução de 1 log tanto para BGN quanto para CGP (*S. aureus* e *S. mutans*). Para o enxaguante Oral B[®], a redução foi de 3 logs para BGN, 2 logs para cocos do gênero *mutans* e 1 log para cocos do gênero *aureus*. No uso da Clorexidina, a redução foi mais significativa, resultando em 5 logs para BGN e 3 logs para cocos do grupo *aureus* e *mutans*. A prática de uma boa higienização com o uso de antissépticos reduz a carga microbiana da cavidade bucal. A qual deve estar associada a outros hábitos, como a profilaxia mecânica, por meio de escovação e uso de fio dental, aliada à supervisão de um profissional.

Palavras-chave: microbiota oral, antissépticos, higiene bucal.

Investigação do potencial antifúngico de associação quádrupla de fármacos frente fungos de importância em infecções oculares

Paula Reginatto¹, Giovanna de Jesus Agostinetto², Alexandre Meneghello Fuentesfria^{1,2}

E-mail: paula.reginatto@hotmail.com

1 – Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas, Faculdade de Farmácia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

2 – Faculdade de Farmácia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

As infecções fúngicas vêm aumentando ao longo das últimas décadas, principalmente devido ao aumento da exposição a fatores de risco. Devido ao crescente aumento de procedimentos cirúrgicos oculares, uma tendência mundial, temos aquelas infecções fúngicas que acometem os tecidos do globo ocular, principalmente córnea (ceratite) e as estruturas internas do olho (endoftalmite). Entre os principais patógenos associados a estas infecções, temos as leveduras pertencentes ao gênero *Candida*. Normalmente, associadas à morbidade e danos irreversíveis, como a perda total da visão. Além disso, o tratamento destas infecções é, muitas vezes complexo, uma vez que as opções terapêuticas antifúngicas disponíveis são escassas e possuem diversas limitações, como a toxicidade, espectro de atividade restrito e a questão da resistência aos antifúngicos. Dessa forma, torna-se evidente a necessidade de novas estratégias para tratar estas infecções. A associação de agentes antifúngicos é uma alternativa que pode auxiliar e minimizar alguns destes problemas. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial antifúngico da associação de antifúngicos comerciais comumente utilizados nestas infecções associados ao clioquinol, um derivado de 8-hidroxiquinolina extensivamente estudado com potencial antifúngico. A associação quádrupla de natamicina, voriconazol, anfotericina B e clioquinol foi testada de acordo com Stein *et al.* (2015) com adaptações para quatro compostos. Foram testadas diferentes combinações de acordo com a concentração inibitória mínima (CIM) de cada composto frente a cada cepa: CIMx2; CIM; CIM/2; CIM/4 e CIM/8 (625 diferentes combinações) para oito cepas de *Candida* spp. De acordo com o índice de concentração inibitória fracionada (ICIF) conforme O'Shaughnessy *et al.* 2006; Stein *et al.* 2015. Os resultados encontrados apresentaram efeito de associação indiferente para 100% das cepas testadas, ainda assim, é importante ressaltar, que não foi encontrado nenhum efeito antagônico neste estudo. Logo, o uso da associação destes agentes antifúngicos não fornece vantagem em termos de redução de dose e nem no efeito sinérgico em associá-los, mas demonstra que o uso concomitante desses agentes não acarreta prejuízo. Ainda, destacamos que a pesquisa de diferentes associações é importante, a fim de otimizar o tratamento das infecções oculares.

Palavras-chave: infecções fúngicas oculares; tratamento; associação; clioquinol

ATIVIDADE ANTI-CANDIDA DE UM PEPTÍDEO DERIVADO DA TOXINA DE ANFÍBIOS COMBINADO COM FÁRMACOS ANTIFÚNGICOS DE USO CLÍNICO

Thayane S. de Carvalho¹, Frederico M. S. Pereira¹, Gabriela F. M. Lopes¹, Sarah B. Vaz¹, Lucas R. Carvalho², Jarbas M. Resende², Jaqueline M. S. Ferreira¹
(gabrielafrancine_lp@hotmail.com)

1 - Laboratório de Microbiologia Médica, Universidade Federal de São João del-Rei, Divinópolis, Brasil
2 - Departamento de Química, Instituto de Ciências Exatas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil

As leveduras do gênero *Candida* são os agentes etiológicos mais importantes na epidemiologia das infecções fúngicas, figurando nas últimas décadas entre as principais causas de infecções em ambientes hospitalares. Esses microrganismos comensais são patógenos oportunistas e podem causar infecções que acometem mucosas ou se disseminar, causando infecções sistêmicas. Apesar de geralmente espécies de *Candida* serem sensíveis aos azóis e polienos, isolados de *Candida* resistentes a estes têm sido descritos. Uma das alternativas como opção terapêutica contra *Candidas* são os peptídeos antimicrobianos (PAMs), que apresentam promissora atividade antimicrobiana e uma das principais fontes advém da peçonha de animais como os anfíbios. Aliado aos PAMS, a combinação de fármacos é uma alternativa atraente para o desenvolvimento de novas terapias. Assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar o efeito combinado de um PAM derivado da toxina de anfíbios com fármacos antifúngicos de uso clínico frente a uma cepa de *Candida albicans* resistente a azóis. Para isso, foi utilizada a metodologia de tabuleiro de damas (*checkerboard*). Placas espelho com diluições seriadas (31,25-0,49 µg/mL) do PAM a ser combinado e dos fármacos (miconazol, anfotericina B e nistatina) foram preparadas em caldo Sabouraud. Posteriormente, a combinação foi feita em outra placa e um inóculo de *C. albicans* ATCC 10231 com densidade de aproximadamente $1 \text{ a } 5 \times 10^6$ UFC/mL foi adicionado. Após 48h de incubação, as placas foram avaliadas quanto à ausência ou presença de crescimento visualmente. O resultado foi interpretado pelo índice da concentração inibitória fracionada (ICIF) sendo avaliados da seguinte forma: $ICIF \leq 0,5$ efeito sinérgico; $0,5 < ICIF \leq 1$ efeito aditivo; $1 < ICIF \leq 4$ o efeito indiferente; e $ICIF > 4$ efeito antagônico. Um efeito sinérgico foi observado para a combinação do PAM com o miconazol ($ICIF = 0,37$). As combinações desse peptídeo com os polienos nistatina e anfotericina B, por sua vez, apresentaram efeito aditivo, com ICIFs de 1,0 e 0,56, respectivamente. Assim, pôde ser concluído que o PAM utilizado no presente estudo é um candidato promissor para terapias combinadas contra infecções causadas por *C. albicans*, visto o impacto que as infecções e resistência a antifúngicos tem causado na clínica e os benefícios provindos da combinação de fármacos como a possibilidade de tratar infecções mistas, pode limitar a seleção de isolados resistentes e reduzir o tempo de uso dos antimicrobianos.

Palavras-chave: Candida; Peptídeos; Toxina de anfíbios; Antifúngico.

Agência de fomento: CAPES (Código de Financiamento 001), CNPq, FAPEMIG, UFSJ, UFMG.

EFEITO ANTIBIOFILME PROMOVIDO POR METABÓLITOS DE *Pseudomonas aeruginosa* ISOLADA DE RIZOSFERA.

Bruna Marcela de Lima¹, Emanuele Julio Galvão de França¹

bmberga@gmail.com

1 – Universidade Estadual do Norte do Paraná – UENP.

Infecções por biofilmes frequentemente conduzem a quadros crônicos, de difícil tratamento, com índices elevados de mortalidade. No contexto hospitalar, muitas vezes os biofilmes estão associados à dispositivos invasivos, como cateteres. Considerando-se a resistência antimicrobiana e a recalcitrância dos biofilmes a muitos agentes antimicrobianos, ressalta-se a importância da pesquisa por novos antimicrobianos, um dos pilares para o controle de biofilmes. Dessa forma, objetivo desse trabalho foi avaliar, *in vitro*, a ação antibiofilme de metabólitos produzidos pela cepa B33, isolada de rizosfera, em biofilmes formados por *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 e *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 9027 em duas condições: placa de poliestireno e sonda uretral. O isolado B33, previamente identificado como *Pseudomonas aeruginosa*, foi cultivado em TSB, a 37°C/96 hs, sob agitação e após, seu sobrenadante foi filtrado e liofilizado (SLC). As bactérias testes foram cultivadas (37°C/24h) em TSB +1% de glicose em microplacas de poliestireno de fundo chato, acrescidas ou não de fragmentos estéreis de sonda uretral de PVC, para formação de biofilmes. Após, os poços foram lavados com solução salina e incubados (37°C/24h) em presença do SLC ressuspendido em TSB, nas concentrações finais 50x, 25x, 12,5x e 6,25x. O controle positivo consistiu da cepa cultivada nas mesmas condições, exceto pela ausência de SLC. Após, os poços foram lavados com solução salina. Para os biofilmes estabelecidos nas placas, as células foram raspadas, ressuspendidas em salina e inoculadas em Luria Bertani Ágar. No caso dos biofilmes estabelecidos nas sondas, estas foram coletadas com pinça estéril e inoculadas em TSB caldo por 24 horas. A menor concentração na qual foi constatada ausência de crescimento foi estabelecida como concentração bactericida mínima (CBM). Para biofilmes da cepa *S. aureus* em placas de poliestireno o SLC apresentou atividade bactericida a partir da concentração 25x (CBM). No entanto, em biofilmes da espécie estabelecidos em sonda uretral não foi observado efeito bactericida até a máxima concentração testada. Para os biofilmes de *P. aeruginosa*, em placas de poliestireno ou sonda uretral, não foi observado efeito bactericida após tratamento com SLC. O SLC da cepa B33 apresentou efeito antibiofilme para *S. aureus*, no entanto, é notório que, além da espécie bacteriana, o material sob o qual o biofilme está estabelecido também pode influenciar no sucesso do tratamento.

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, Biofilme, Sonda Uretral.

Agência de fomento: Fundação Araucária.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Análise comparativa de adesão e invasão celular de *Escherichia coli* uropatogênicas e endometriais patogênicas isoladas simultaneamente em animais de companhia

Cassiane E. Lopes¹, Camila Azevedo Moni¹, Maria Eduarda Dias¹,
Tainara Soares Weyh¹, Franciele Maboni Siqueira^{1,2*}

franciele.siqueira@ufrgs.br

1 – Laboratório de Bacteriologia Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Av. Bento Gonçalves, 9090, 91540-000 Porto Alegre, RS, Brasil

2 – Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Av. Bento Gonçalves, 9090, 91540-000 Porto Alegre, RS, Brasil

Escherichia coli endometriais patogênicas (EnPEC) e uropatogênicas (UPEC) são comumente isoladas em quadros de infecção simultânea do útero e da bexiga em fêmeas de animais de companhia. Por isso, o objetivo desse estudo foi comparar a capacidade de adesão e invasão celular de EnPECs e UPECs em células HeLa (CCL-2) e T24 (HTB-4). Para tanto, 16 isolados de *E. coli* provenientes de oito fêmeas (sete caninos e um felino), que possuíam infecção uterina e urinária concomitantes, foram incluídos nesse estudo. Os ensaios de adesão e invasão bacteriana foram conduzidos em placas de 24 poços e a *multiplicity of infection* (MOI) ajustada para 15:01. O período de interação entre células bacterianas e eucarióticas foi de 3 h a 37 °C com 5 % de CO₂. No final de cada ensaio, as células bacterianas aderidas e invadidas foram recuperadas e plaqueadas em LB para contagem. Todos os isolados demonstraram capacidade de adesão em ambas as células, variando de 0,43 % a 20 % em células HeLa; e de 0,20 % a 7,63 % em células T24. As adesões em células HeLa e T24 foram similares, diferindo em apenas dois isolados ($p < 0,05$). Estatisticamente, as adesões de isolados EnPEC e UPEC diferiram em três dos oito pares testados, nos quais os isolados UPEC obtiveram maior capacidade de adesão. Já as quantificações de bactérias invadidas demonstraram baixa capacidade de invasão em ambas as células testadas, variando de 0 % a 0,14 % em células HeLa, e de 0 % a 0,77 % em células T24. Diferenças estatísticas entre capacidades de invasão em HeLa e T24 foram identificadas em cinco dos 16 isolados testados. Comparando isolados EnPEC e UPEC, houve diferença estatística em quatro dos oito pares de isolados testados, sendo que em três dos casos, os isolados EnPEC obtiveram maior capacidade de invasão. De forma geral, os resultados desse estudo demonstram que isolados EnPEC e UPEC isolados do mesmo animal possuem alta capacidade de adesão celular e baixa capacidade de invasão celular. Alguns isolados UPEC possuíram maior capacidade de adesão, enquanto alguns isolados EnPEC possuíram maior capacidade de invasão celular em linhagens HeLa e T24. Com os resultados obtidos, concluímos que isolados EnPEC e UPEC possuem capacidade de adesão a células epiteliais de colo uterino (HeLa) e de bexiga (T24), o que auxilia na compreensão da ocorrência simultânea de piometra e cistite. Além disso, ressaltamos a importância da investigação laboratorial de ambas as infecções quando na presença de manifestação clínica.

Palavras-chave: piometra, cistite, canino, felino

Agência de fomento: CAPES, CNPq

COMPARAÇÃO DO PERFIL DE SUSCETIBILIDADE DE ISOLADOS CLÍNICOS DE *Candida lusitanae* FRENTE A DIFERENTES ANTIMICROBIANOS

Lavínia da Veiga Pereira^{1,2}, Tiago Rizzi^{1,2}, Paula Reginatto^{1,2}, Jade André de Souza^{1,2}, Alexandre Meneghello Fuentefria^{1,2}

(lavi.veiga10@gmail.com)

1 – Laboratório de Pesquisa em Micologia Aplicada (LPMA), Universidade Federal do Rio Grande do Sul
2 – Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

As doenças causadas por fungos são cada vez mais recorrentes e preocupantes, sendo as infecções sistêmicas causadas por *Candida* responsáveis por altos níveis de morbi-mortalidade. Caracterizada como oportunista, infecções disseminadas de *Candida lusitanae* estão relacionadas a pacientes imunocomprometidos, embora também acometam indivíduos imunocompetentes. Somadas a resistência antifúngica, identificação errônea, falhas na terapia e seus riscos de toxicidade, configuram uma situação de saúde emergente e evidenciam a necessidade de novas estratégias terapêuticas. O objetivo desse estudo foi investigar o perfil de suscetibilidade de isolados clínicos de *C. lusitanae* frente à Anfotericina B (AFB), um tratamento clássico e, à Nitroxolina (NTX) como uma nova abordagem. As concentrações inibitórias mínimas (CIM's) foram determinadas através do método de microdiluição em caldo, conforme o protocolo M27-A3 estabelecido pelo Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Quatro cepas foram selecionadas no depósito do Laboratório de Micologia Clínica (LPMA) e todos os testes foram realizados em triplicata. Para a leitura dos ensaios considerou-se 100% de inibição após 48 h de incubação, onde as cepas de *C. lusitanae* apresentaram CIM's entre 0,25 - 1 µg/mL para Anfotericina B e CIM constante de 8 µg/mL para Nitroxolina. Os preceitos da CLSI consideram sensível à AFB CIM < 1 µg/mL e resistente os resultados superiores a esse valor. A AFB é um antifúngico de uso intravenoso, exclusivamente hospitalar e sabidamente possui efeitos nefrotóxicos. Além disso, alguns estudos demonstraram potencial resistência antifúngica de *C. lusitanae* à AFB. Em contrapartida, a NTX é um antibacteriano bem tolerado e de uso oral, demonstrou-se eficaz *in vitro*, apontando-a como uma interessante alternativa para o tratamento de tais enfermidades. Assim, pode-se observar que a espécie demonstrou suscetibilidade aos fármacos testados, alguns resultados limítrofes para AFB podem estar correlacionados com a resistência antifúngica já relatada, porém mais estudos são necessários. Considerando a boa tolerância e desempenho da Nitroxolina, acreditamos que essa seja uma aposta promissora no tratamento de infecções causadas por *Candida*.

Palavras-chave: *Candida*, Anfotericina B, Nitroxolina, antifúngicos, imunocomprometidos.

Agência de fomento: Agradecimentos a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES.

IDENTIFICAÇÃO DE ENDOSSIMBIOTES BACTERIANOS DE *Acanthamoeba* spp.
ISOLADAS DE CERATITE INFECCIOSA E ÁGUA DA TORNEIRA

Camila Neugebauer Mello¹, Gertrudes Corção¹

(camilaneugebauer@gmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

A ceratite infecciosa é uma inflamação da córnea causada por microrganismos e relacionada ao uso de lentes de contato e a sua higiene inadequada. Bactérias e *Acanthamoeba* spp. são frequentemente associadas à ceratite, estando onipresentes no ambiente, incluindo água, estojos de armazenamento e soluções de limpeza para lentes de contato. A *Acanthamoeba* pode atuar como hospedeiro para microrganismos endossimbiontes, podendo protegê-los e liberá-los sob certas condições. O objetivo deste estudo foi avaliar a prevalência de endossimbiontes bacterianos de *Acanthamoeba* spp. de origem clínica e ambiental. Para isso, culturas axênicas de *Acanthamoeba* spp., duas provenientes de ceratite infecciosa e duas de água da torneira, foram submetidas à lise amebiana realizada através de choque térmico e ação mecânica. O lisado da cultura amebiana foi submetido a técnica de culturômica pela inoculação em meio de pré-incubação estéril seguida de incubação aeróbia por 15 dias. A cada 5 dias foram retiradas alíquotas do meio para a semeadura em Ágar sangue (3%). As colônias isoladas foram identificadas por MALDI-TOF MS (Biotyper Bruker Daltonics) e os resultados foram analisados através do escore fornecido pelo próprio software. Foram identificadas seis diferentes bactérias nas amostras selecionadas. A partir das amostras clínicas foi identificado mais de um gênero bacteriano: *Klebsiella variicola* e *Enterobacter asburiae*, da amostra 1, e *Pseudomonas aeruginosa* e *Staphylococcus epidermidis*, da amostra 2. Nas amostras 3 e 4, ambas de origem ambiental, foram identificadas *Stenotrophomonas maltophilia* e *Ochrobactrum intermedium*, respectivamente. *P. aeruginosa* é amplamente relatada em co-infecções com *Acanthamoeba* spp. em ceratites infecciosas e também é bastante isolada de ceratites bacterianas. *K. variicola* e *E. asburiae* podem causar infecções em pacientes hospitalares e com sistema imunológico comprometido. A disseminação de *S. maltophilia* multirresistentes representa uma preocupação para a saúde pública mundial, devido a sua alta prevalência em ambientes antropogênicos e nosocomiais e capacidade de causar infecções em indivíduos hospitalizados e da comunidade. A maioria das bactérias identificadas neste estudo são patógenos oportunistas comumente encontrados em ambientes aquáticos. Usuários de lentes de contato contaminadas por tais bactérias associadas a *Acanthamoeba* spp. podem desenvolver ceratite infecciosa com desfechos clínicos mais graves.

Palavras-chave: Endossimbiontes, *Acanthamoeba* spp., Ceratite Infecciosa, Lentes de Contato.

Agência de fomento: CAPES-PROAP

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

ATIVIDADE ANTIBACTERIANA DE EXTRATO HIDROETANÓLICO DE FLORES DE *Ipomoea horsfalliae*.

Rodrigo Sorrechia¹, Camila Cristina Bacetti Medeiros¹, João Vitor Carvalho Constantini¹, Rafaela Regina Fantatto¹, Rosemeire Cristina Linhari Rodrigues Pietro¹

(rosemeire.pietro@unesp.br)

1- Departamento de Fármacos e Medicamentos, Faculdade de Ciências Farmacêuticas - FCFAr, Campus Araraquara - UNESP.

A busca por novas substâncias com atividade antimicrobiana é importante devido à lacuna na descoberta de novos compostos aliada ao aumento de resistência apresentado pelos microrganismos, seja por sua evolução natural ou pelo uso indiscriminado de antibióticos. Uma alternativa é o estudo de espécies vegetais que ainda são pouco estudadas para futuro desenvolvimento de novos agentes terapêuticos. Algumas espécies do gênero *Ipomoea* analisadas demonstraram diversas atividades biológicas. O objetivo desse trabalho foi avaliar a atividade antibacteriana das flores de *Ipomoea horsfalliae*. O extrato hidroetanólico 70 de flores de *I. horsfalliae* foi avaliado segundo a Norma M2-A8 do Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) por difusão em ágar utilizando templates (50 µL de extratos a 50 e 25 mg/mL) e discos de papel (impregnados com extratos a 100, 50 e 25 mg/mL), e por determinação de concentração inibitória mínima (CIM) através do método de diluição em microplaca e concentração bactericida mínima (CBM) com a subcultura de cada poço em ágar (extratos de 5000,00 a 2,44µg/mL) segundo a norma M7-A11. Como controle foi utilizado ampicilina 50µg/mL. Os testes foram realizados em triplicata para as cepas *Bacillus subtilis* ATCC 9362, *Enterococcus faecalis* (cepa clínica), *Escherichia coli* ATCC 25922, *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 9027, *Shigella sonnei* (cepa clínica), *Staphylococcus aureus* ATCC 25923 e *Staphylococcus epidermidis* ATCC 12228. Os resultados, expressos como porcentagem de inibição do crescimento bacteriano das amostras em relação à ampicilina, demonstraram que, na difusão em discos de papel as faixas de inibição foram de 40,64 - 36,33 para *B. subtilis*, 54,31 - 49,63 para *E.coli*, 45,06 - 38,92 para *S. aureus* e 66,20 - 58,67 para *S. epidermidis*. Para os templates, as faixas de inibição foram de 36,05 - 30,74 para *B. subtilis*, 48,86 - 40,94 para a *E.coli*, 45,69 - 37,99 para *S. aureus* e 47,71 - 42,03 para *S. epidermidis*. O extrato não foi ativo na maior concentração testada (5000µg/mL) nos ensaios de determinação de CIM e CBM. A técnica de difusão em discos revelou maiores faixas de inibição em relação à difusão em templates, que pode ser atribuída às características de difusão da amostra nos discos e no template. Os resultados demonstram que as flores de *I. horsfalliae* possuem potencial para o combate a bactérias sendo necessário novos estudos abordando diferentes técnicas de extração dos compostos presentes.

Palavras-chave: *Ipomoea horsfalliae*, atividade antimicrobiana, atividade antibacteriana, extrato vegetal.

Agência de fomento: Capes

AValiação DO POTENCIAL ANTIMICROBIANO DE ÓLEOS ESSENCIAIS COMERCIAIS

Isabel Maria Figueiredo Maciel Pacheco^{1,2}, Matheus Lopes Santiago^{1,2}, Natalia Iorio Lopes Pontes Póvoa^{2,3}
Helvécio Cardoso Corrêa Póvoa^{2,3}

isabel76pacheco@gmail.com

¹ Graduando(a) do Curso de Bacharelado em Biomedicina do Instituto de Saúde de Nova Friburgo, Universidade Federal Fluminense, Brasil

² Professor(a) do Instituto de Saúde de Nova Friburgo, Universidade Federal Fluminense, Brasil

³ Laboratório de Microbiologia Experimental e Aplicada, Instituto de Saúde de Nova Friburgo, Universidade Federal Fluminense, Brasil

Os óleos essenciais apresentam diversos elementos em sua composição, alguns desses constituintes possuem atividades antimicrobianas, podendo ser bactericidas ou bacteriostáticos. Devido ao crescente surgimento de microrganismos resistentes aos fármacos clássicos, os óleos essenciais surgiram como uma alternativa terapêutica. O objetivo deste trabalho foi comparar o potencial antimicrobiano de óleos essenciais comerciais de diferentes fabricantes contendo, Melaleuca (*Melaleuca alternifolia*) (95%), Lemon (*Citrus limon*) (95%), Frankincense (*Boswellia*) (95%) e Melaleuca (*Melaleuca alternifolia*) (15%). A avaliação da atividade antimicrobiana foi realizada utilizando cepas de *Staphylococcus aureus* (ATCC 358), *Escherichia coli* (ATCC 25922) e *Pseudomonas aeruginosa* (ATCC 47085). A concentração inibitória mínima (CIM) foi determinada através do método de microdiluição em placas expondo os microrganismos às concentrações finais dos óleos essenciais comerciais diluídos em DMSO puro a 0,024%, 0,011% e 0,005% e 0,0015%, 0,0009% e 0,0004%; da concentração inicial, para a melaleuca (15%), por 24 horas. Observou-se que o óleo essencial lemon não apresentou efeito inibitório do crescimento de nenhuma das espécies bacterianas utilizadas neste estudo. O óleo frankincense inibiu o crescimento das 3 cepas somente na concentração de 0,024%. O óleo essencial de melaleuca (95%) apresentou melhor resultado, sendo capaz de inibir o crescimento de *S. aureus* e *P. aeruginosa* nas concentrações de 0,024%, 0,011% e 0,005%, e de *E. coli* na concentração de 0,024%. No ensaio comparativo das duas marcas do óleo essencial de melaleuca, o óleo contendo melaleuca (95%) inibiu 100% do crescimento microbiano das 3 cepas em todas as suas concentrações pesquisadas. O óleo contendo melaleuca (15%) foi capaz de inibir 100% do crescimento da cepa de *S. aureus* nas 3 concentrações estudadas e de inibir o crescimento das cepas de *P. aeruginosa* e *E. coli* somente nas concentrações finais de 0,0015% e 0,0009%. Os óleos essenciais comerciais testados possuem a atividade inibitória do crescimento bacteriano, *in vitro*, em diferentes concentrações, com destaque para o melaleuca. Dessa forma, acredita-se que os óleos essenciais tenham potencial como alternativa adjuvante ao tratamento antimicrobiano tradicional contra infecções bacterianas.

Palavras-chave: Resistência antimicrobiana, Óleos essenciais, Melaleuca

Agência de fomento: UFF, FAPERJ

PERFIL DE SUSCEPTIBILIDADE AOS ANTIMICROBIANOS DE *Escherichia coli* ISOLADAS DE ANIMAIS SELVAGENS DO NORTE DO PARANÁ, BRASIL

Laura Boso Brida Cavichioli¹, Andressa de Souza Oliveira¹, Renata Alfredo³, Benito Guimarães de Brito⁴, Kelly Cristina Tagliari de Brito⁴, Gerson Nakazato², Renata Katsuko Takayama Kobayashi², Emanuele Júlio Galvão de França¹, Luís Eduardo de Souza Gazal¹

Autor correspondente: laura.bbc18@gmail.com

- 1 - Universidade Estadual do Norte do Paraná (UENP-CCP), Paraná
- 2 - Universidade Estadual de Londrina (UEL), Paraná
- 3 - Instituto de Pesquisa em Vida Selvagem e Meio Ambiente (IPEVS), Paraná
- 4 - Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor (IPVDF), Rio Grande do Sul

A resistência aos antimicrobianos (RAM) é um dos maiores problemas de saúde pública global dos últimos anos. Entre os mecanismos mais estudados atualmente está a produção de uma enzima denominada Beta-Lactamase de Espectro Estendido (ESBL). Em geral, as cepas produtoras de ESBL são multirresistentes, pois abrigam consigo outros genes que conferem resistência a várias outras classes de antimicrobianos, como observados em isolados bacterianos clínicos e de produção animal. Na região do norte do Paraná, não existem trabalhos que monitorem a RAM em isolados de origem ambiental. Assim, o trabalho teve o objetivo de investigar o perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos e produção de ESBL em *Escherichia coli* isoladas de animais selvagens resgatados em áreas urbanas do norte do Paraná. A susceptibilidade aos antimicrobianos e a produção de ESBL foram avaliadas utilizando o método de disco difusão, utilizando os seguintes antimicrobianos Ácido Nalidíxico; Amoxicilina-Ácido Clavulânico; Aztreonam; Cefazolina; Cefepime, Cefoxitina; Ceftiofur; Ceftriaxona; Enrofloxacina; Florfenicol; Fosfomicina; Gentamicina; Imipenem; Tetraciclina; Sulfametoxazol-Trimetoprim. Ao todo 20 cepas foram isoladas de 5 animais, sendo dois mamíferos (*Didelphis albiventris* e *Sphigurus* sp.) e três aves (*Asio clamator*, *Ramphastos dicolorus* e *Rupornis magnirostris*). Não foi detectada nenhuma cepa produtora de ESBL. Das 20 cepas, 19 apresentaram susceptibilidade a todos os 15 antimicrobianos testados. Apenas uma cepa (GMEC3), oriunda de *D. albiventris*, apresentou resistência a fosfomicina. Os resultados mostram que os animais não apresentam *E. coli* multirresistente. Por serem animais selvagens e não sofrem as pressões seletivas do uso de antimicrobianos, os resultados corroboram com o esperado para este tipo de ambiente. Uma das cepas foi resistente a um antimicrobiano utilizado na clínica humana no tratamento de infecções do trato urinário. Apesar da baixa frequência, o monitoramento da RAM em ambientes naturais se faz necessário para a compreensão da sua dinâmica de disseminação nesses locais, além de contemplar os preceitos sugeridos pelo *One Health*.

Palavras-chave: *Escherichia coli*, Resistência aos Antimicrobianos, ESBL, Animais Selvagens, *One Health*

ASSOCIAÇÃO DUPLA DA NITROXOLINA COM ANTIFÚNGICOS FRENTE A FUNGOS LEVEDURIFORMES DE INTERESSE CLÍNICO

Jade André de Souza¹, Roger Ferreira Gomes², Paula Reginatto³, Gabriella da Rosa Monte Machado³, Alexandre Meneghello Fuentes^{1,3}.

E-mail: jade_desouza@hotmail.com

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

2 – Curso de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

3 – Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas, Faculdade de Farmácia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

Atualmente as infecções fúngicas sistêmicas são uma das maiores problemáticas na saúde pública, uma vez que possuem altas taxas de mortalidade e uma terapia limitada. Predominantemente, essas infecções são causadas por fungos do gênero *Candida*, sendo a *Candida albicans* a espécie de maior incidência, porém espécies não-albicans, como *C. glabrata*, *C. parapsilosis* e *C. tropicalis* se tornaram emergentes. Devido ao aumento da seleção de isolados fúngicos resistentes e da eficácia limitada dos antifúngicos disponíveis, faz-se necessário a prospecção por novas alternativas terapêuticas capazes de contornar essas problemáticas. Assim, uma das estratégias abordadas é o uso da terapia combinada, que permite a atuação em mais de um alvo celular, aumento da ação sinérgica, maior atividade de espectro e menor toxicidade. Além disso, o reposicionamento de fármacos também vem sendo adotado no combate das infecções fúngicas resistentes e em casos de recidivas, sendo um processo de menor custo e menos dispendioso comparado ao desenvolvimento de um novo antifúngico. Derivados da 8-hidroxiquinolina, como a nitroxolina (5-nitro-8-hidroxiquinolina), vêm apresentando um amplo espectro de atividades biológicas, como antibacteriana, antioxidante, antiviral, antiparasitária e antifúngica. Este estudo visa prospectar novas alternativas ao combate às infecções fúngicas, utilizando o fármaco nitroxolina e sua associação dupla com os fármacos: anfotericina B, fluconazol e caspofungina. As combinações foram testadas para oito cepas leveduriformes, sendo 7 espécies de *Candida* spp. e 1 de *Trichosporon* spp. Calculou-se o índice de concentração inibitória fracionada (ICIF), sendo as combinações classificadas como sinérgica (ICIF $\leq 0,5$), indiferente (ICIF $>0,5$ e ≤ 4) e antagônicas (ICIF >4). As combinações apresentaram efeito indiferente para todas as cepas testadas. Porém é importante ressaltar a ausência de efeito antagônico entre os fármacos testados. Sendo assim, seu uso combinado não traria prejuízos em relação à ação dos fármacos individualmente. Estudos complementares estão sendo realizados, com a combinação tripla desses fármacos, investigando a possibilidade de seu efeito sinérgico, que resultaria em uma diminuição da dose, maior espectro de ação e uma alternativa à terapia antifúngica atual.

Palavras-chave: *Candida*; associação, reposicionamento, tratamento, infecções fúngicas.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Perfil e prevalência de resistência aos antimicrobianos de *Staphylococcus* isolados de otite canina

Simara Ackermann¹, Jéssica Gomes Maciel³, Tatiane Ascari², Gabriele Casagrande¹, Paola Andressa Neves Luna¹, Jaeli Fernanda Maule Girelli¹, Sandy Boeni¹, Liziane Bertotti Crippa¹, Diane Alves de Lima¹.

(simara_ackermann@yahoo.com.br)

1 – Centro Universitário da Serra Gaúcha – FSG

2 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

3 – Universidade de Caxias do Sul – UCS

A otite bacteriana é uma doença de grande recorrência na clínica de pequenos animais, que acomete tanto caninos quanto felinos. É caracterizada como uma inflamação no epitélio do conduto auditivo, a qual inicialmente apresenta sinais clínicos como lateralização da cabeça, secreção purulenta, edema, eritema, otalgia e ulcerações com odor fétido. Além disso, podem ser visualizados sinais de escoriações e auto-trauma na porção externa da orelha. O diagnóstico deve incluir otoscopia, citologia auricular, cultura bacteriana e antibiograma, biópsia, entre outros. Normalmente, os casos de otite podem estar relacionados a *Staphylococcus* sp. por se tratar de uma bactéria em formato de cocos sendo Gram-positiva encontrada comumente na pele dos mamíferos. De forma geral o tratamento engloba limpeza do conduto auditivo, controle da produção de cerúmen e administração tópica ou oral de antimicrobianos. Para obter um melhor diagnóstico e conduta terapêutica é necessário realizar o antibiograma que utiliza antibióticos específicos com objetivo de verificar a resistência ou sensibilidade da bactéria identificada. O presente trabalho teve por objetivo avaliar o perfil de resistência das cepas de *Staphylococcus* sp. isolados de otites bacterianas em cães no período de março a julho de 2022. Para isso, foram analisados os antibiogramas de 18 isolados de *Staphylococcus* sp. em otites bacterianas. Desses, 39% (7/18) foram classificados como coagulase positiva e 61% (11/18) como coagulase negativa. Os resultados analisados no antibiograma para coagulase positiva indicaram 17% de resistência a Gentamicina, 20% a Cloranfenicol, 29% a Clindamicina, 40% a Oxacilina, 43% a Enrofloxacina, 50% a Sulfa+trimetropim, Ampicilina, Azitromicina e Marbofloxacina, 57% a Doxiciclina e Tetraciclina e 60% a Eritromicina. Já os resultados analisados para coagulase negativa demonstraram 18% de resistência a Gentamicina, 22% a Marbofloxacina, 29% a Cefovecina, 30% a Doxiciclina, 33% a Azitromicina, 36% a Enrofloxacina, 45% Clindamicina, 50% a Cloranfenicol e Oxacilina, 60% a Sulfa+trimetropim, 63% Tetraciclina e 67% a Eritromicina. Conclui-se que é necessário realizar a cultura bacteriana e antibiograma da bactéria isolada para obter um diagnóstico e tratamento mais fidedigno para o paciente. Utilizando antibiótico na qual a bactéria apresenta maior sensibilidade, reduzindo os índices e uso indiscriminado dos antimicrobianos que podem influenciar no desenvolvimento de bactérias multirresistentes.

Palavras-chave: Microbiologia, Medicina Veterinária, bactérias, antibiograma.

Agência de fomento: (opcional)

DIVERSIDADE BACTERIANA E FÚNGICA EM MÁSCARAS FACIAIS.

Ariel Meirelles Danzmann¹, Raquel de Castilhos¹

arielmeirelles.am@hotmail.com

¹ Ciências Biológicas - UNISINOS. Av. Unisinos, 950 – B. Cristo Rei, Cep: 93.022-000, São Leopoldo, Rio Grande do Sul, Brasil. -

Devido à intensificação na utilização de máscaras faciais durante a pandemia de SARS-COV-2, torna-se evidente a importância e a necessidade de estudos com enfoque microbiológico quanto a utilização e segurança das máscaras. O presente estudo analisou 30 máscaras faciais utilizadas por alunos e funcionários da UNISINOS, Campus São Leopoldo, no segundo semestre de 2021. Durante este processo, foi realizada a coleta por meio de passagens firmes com swab seco na parte interna e central da máscara. Em seguida, realizou-se a técnica de semeadura para inocular o material microbiológico em três meios de cultura Ágar Nutriente (NA), Ágar Batata Dextrose (BDA) e Ágar Macconkey. Posteriormente, as amostras foram incubadas por 7 dias, em estufa com temperatura de 30 °C. Após cada coleta foram anotadas as características de confecção e tempo de utilização das máscaras. Para definir os resultados, após a diferenciação macroscópica das colônias bacterianas selecionou-se uma amostra de cada morfologia, na qual foram aplicados os testes de catalase e realizado o preparo de lâminas com coloração de Gram. Já as colônias fúngicas foram divididas quanto à sua estrutura, podendo ser leveduriforme ou filamentosas. Dentre os resultados obtidos foi possível estabelecer um perfil temporal de em média 5,5 h de uso e localizar a diversidade total (bactéria+fungo). Sendo assim, no meio NA se observou a maior diversidade total na faixa de 5 h e 6 h, com uma média de 4 colônias bacterianas e 1 colônia de fungo por amostra. No meio BDA, a maior diversidade total foi encontrada na faixa de 2 h com uma média de 2 colônias bacterianas e 3 colônias de fungos por amostra. Por fim, no meio Ágar Macconkey, o tempo de uso correspondente à maior diversidade total foi de 12 horas com uma média de 3 colônias bacterianas e 2 colônias de fungos por amostra. Compreende-se que este estudo aponta a necessidade de mais pesquisas sobre a temática referente aos microrganismos e as máscaras e respiradores. Alertando assim para as boas práticas de uso, principalmente, em virtude de a área interna das máscaras constituir um ambiente favorável para a multiplicação de alguns microrganismos. Conclui-se que é necessária maior atenção quanto a possibilidade de auto-contaminação com os organismos oportunistas da microbiota normal e contaminação cruzada com diferentes microrganismos patógenos presentes no meio.

Palavras-chave: microbiota; máscaras; SARS-COV-2; fungos; bactérias.

SUSCEPTIBILIDADE DE ESPÉCIES DE *CANDIDA* A SAIS IMIDAZOLÍNIOS E PIRRÓIS

Clarissa Martins Leal Schrekker^{1,3}, Romano V. A. Orru², Henri Stephan Schrekker³

(clarissa.schrekker@ufrgs.br)

1- Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, PPG em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, Brasil.

2- Maastricht University, Faculdade de Ciência e Engenharia, Países Baixos.

3- Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Química, Grupo Multidisciplinar em Química Médica e Microbiológica, Brasil.

A resistência antifúngica em espécies de *Candida* tem aumentado cada vez mais a morbidade e a mortalidade em pacientes imunossuprimidos. Esses micro-organismos podem causar infecções superficiais, em tecidos profundos, vaginais, na mucosa oral e na corrente sanguínea. A resistência antimicrobiana, a existência de poucas drogas antifúngicas para infecções invasivas e a alta emergência de espécies de *Candida* multirresistentes demonstram a grande importância no desenvolvimento de novos compostos eficazes que possam ser utilizados como suporte na terapia da candidíase. O objetivo desse estudo é a identificação de novos compostos químicos, a base de sais imidazolínicos e pirróis, que possuam propriedades antifúngicas para diferentes espécies de *Candida*. Foram utilizadas três substâncias, sendo dois sais imidazolínicos e um pirrol, sintetizadas na Vrije Universiteit Amsterdam/Países Baixos. Realizou-se Ensaio de “Screening” com as três substâncias em uma concentração de 512 µg/mL e os isolados de *Candida tropicalis* ATCC 13803 e *Candida parapsilosis* ATCC 22019, em placas de 96 poços. Colônias de *Candida* spp. puras e jovens foram repicadas, crescidas em placas de Petri com Ágar Sabouraud com Cloranfenicol e acondicionadas na estufa à 36 °C por 24 h. Replique das colônias das leveduras foram adicionadas para o meio RPMI para preparar um inóculo com 10⁶ UFC/mL (Turbidímetro: RPMI – 100% de transmitância; Inóculo – 90% de transmitância). Como controles negativo e positivo, foram utilizados o RPMI e o RPMI com inóculo de cada levedura, respectivamente. As placas foram incubadas a 36 °C e as leituras das placas foram realizadas em 24 e 48 h. Os ensaios foram realizados em triplicata, mostrando que as três substâncias inibiram o crescimento dos isolados de *Candida tropicalis* ATCC 13803 e *Candida parapsilosis* ATCC 22019 a 512 µg/mL. Dessa forma, foi possível verificar que as três substâncias testadas nos ensaios apresentaram atividade inibitória frente a diferentes espécies de *Candida*, qualificando-se promissoras para verificação da eficácia antifúngica e determinação do real potencial antifúngico para o desenvolvimento de formulações farmacêuticas.

Palavras-chave: Sal imidazolínio, pirrol, antifúngico, *Candida tropicalis* e *Candida parapsilosis*.

Agência de fomento: Os autores agradecem ao CNPq pelo apoio financeiro por meio do Programa Ciência sem Fronteiras (projeto de pesquisador visitante especial 400875/2014-4).

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Avaliação do perfil de suscetibilidade de importantes espécies de *Candida* associadas a candidíase oral frente à nistatina e a um derivado de 8-hidroxiquinolina

Tiago Rizzi^{1,2}, Lavínia da Veiga Pereira^{1,2}, Paula Reginatto^{1,2}, Alexandre Meneghello Fuentefria^{1,2}

E-mail:tiagorizzi7@hotmail.com

1 – Laboratório de Pesquisa em Micologia Aplicada (LPMA), Faculdade de Farmácia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

2 – Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas, Faculdade de Farmácia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

Inúmeras espécies do gênero *Candida* fazem parte da microbiota do organismo humano, vivendo em equilíbrio (comensais). Entretanto, quando ocorre uma desordem no organismo, esse fungo pode oportunizar e se tornar patogênico, provocando infecções que podem ser locais ou sistêmicas. Na mucosa oral, *C. albicans* é a espécie de *Candida* mais comumente associada à estas infecções, o que está relacionado a sua maior expressão de fatores de virulência. Contudo, outras espécies de *Candida* também podem ser patógenos responsáveis por candidíases orais, como *C. glabrata*, *C. krusei*, e *C. tropicalis*. O tratamento, em geral, é realizado através do antifúngico polieno nistatina, embora sejam pouco solúveis em água, o sabor é difícil de mascarar e são instáveis na presença de luz, calor e oxigênio. Com isso, os derivados de 8-hidroxiquinolina, como o clioquinol, com interessante atividade antifúngica, apresentam-se como importantes alternativas. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o perfil de suscetibilidade das principais espécies de *Candida* de importância em candidíases orais frente à nistatina e ao clioquinol. O teste de suscetibilidade avaliou a Concentração Inibitória Mínima (CIM) para duas cepas de *C. albicans*, duas cepas de *C. tropicalis* e duas cepas de *C. glabrata* de acordo com o documento M27-A4 do CLSI para nistatina e clioquinol. O teste de microdiluição em caldo teve a CIM para cada cepa determinada através da leitura do percentual de 100% de inibição do crescimento. Os resultados encontrados as cepas de *Candida albicans*, *C. tropicalis* e *C. glabrata* apresentaram CIM inferiores a 8 ug/ml para nistatina. Embora não haja especificações para os pontos de CIM nos documentos do CLSI, baseando-se nas informações para os demais antifúngicos, constatamos que nistatina demonstrou-se sensível quando em contato com as espécies fúngicas, já o clioquinol apresentou CIM inferiores a 1 ug/ml para todas as cepas. Embora, a nistatina o primeiro fármaco de escolha para o tratamento, suas formulações possuem limitações quanto a solubilidade e estabilidade, o que impacta diretamente na adesão ao tratamento pelo paciente. Com isso o clioquinol tem uma atividade promissora, devido ao excelente perfil de atividade e espectro de ação frente a diferentes espécies fúngicas, principalmente *C. albicans*. Mais estudos necessários para avaliar o perfil de toxicidade do clioquinol na mucosa oral e para descoberta de novas estratégias terapêuticas.

Palavras-chave: candidíase oral; clioquinol; nistatina;

Broncopneumonia causada por *Granulicatella balaenopterae* em baleia-jubarte

Maria Eduarda Dias¹, Gabriela Merker Breyer¹, Anderson Gris², Luciana Sonne², Franciele Maboni Siqueira¹

mduda.dias@gmail.com

1 – Laboratório de Bacteriologia Veterinária da Universidade Federal do Rio Grande do Sul

2 – Setor de Patologia Veterinária da Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A baleia-jubarte (*Megaptera novaeangliae*) é uma das espécies de cetáceos comumente encontradas encalhadas no litoral do Rio Grande do Sul. Este trabalho relata um caso de broncopneumonia em baleia-jubarte. O animal foi submetido a necropsia, onde não se observaram alterações significativas nos pulmões. Fragmentos de tecido pulmonar foram então coletados, fixados em formol 10%, processados e corados com hematoxilina e eosina. Ao exame microscópico, nos pulmões, observou-se acentuado infiltrado inflamatório de neutrófilos, linfócitos, plasmócitos e alguns macrófagos espumosos, associados à deposição de material fibrilar eosinofílico e estruturas bacterianas cocoides intralésionais. Havia ainda, moderada necrose do epitélio de brônquios multifocal, além de hemorragia multifocal. Em vista destas alterações, fragmentos de pulmão foram cultivados em ágar sangue ovino 5% e ágar MacConkey, e incubados a 37 °C em aerobiose e anaerobiose por até 72 h. Foi observado o crescimento bacteriano apenas em anaerobiose, apresentando hemólise parcial no ágar sangue. O isolado bacteriano foi analisado através de coloração de Gram e testes fenotípicos, sendo classificado como coco Gram-positivo, catalase-negativo, e positivo para a hidrólise de bile esculina. Para identificação bacteriana, o DNA total do isolado foi extraído por kit comercial e empregado em PCR para amplificação de um fragmento da região 16SrDNA. O material amplificado foi enviado para sequenciamento pelo método de Sanger, sendo os dados gerados analisados por Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) para determinação da identificação por similaridade da região 16SrDNA. O isolado apresentou 98,24% de similaridade com *Granulicatella balaenopterae*. Esta bactéria foi isolada pela primeira vez a partir de amostras de pulmão de uma baleia minke encontrada na Escócia. Outras espécies de *Granulicatella* são descritas como parte da microbiota humana oral, além de relatos associando-a a casos de endocardite, sepse e infecções articulares. Tendo em vista os resultados observados pelo exame microscópico e análises microbiológicas, a baleia-jubarte foi diagnosticada com uma broncopneumonia causada por *G. balaenopterae*. O presente relato reforça a importância das análises microbiológicas e patológicas de mamíferos marinhos encalhados para maior compreensão dos micro-organismos que fazem parte das suas microbiotas, além da identificação de micro-organismos com potencial patogênico para esses animais.

Palavras-chave: Baleia, cetáceos, diagnóstico bacteriológico, encalhe.

Agência de fomento: Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Establishing and characterizing a Brazilian collection of newborn meningitis-causing *Escherichia coli*

Simone Iahnig Jacques¹, Tobias Weber Martins¹, Raul Simon Batista¹, Luís Fernando dos Santos², Joice Reis Pedreira³, Christian de Alencar Siebra⁴, Rita de Cássia Silveira⁵, Caroline Pissetti⁶, and Fabiana Horn¹

(monijac@gmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Departamento de Biofísica, Porto Alegre, RS.

2 – Centro de Bacteriologia, Instituto Adolfo Lutz, SP.

3 – Laboratório de Microbiologia Clínica, Faculdade de Farmácia, Universidade Federal da Bahia, Salvador, BA.

4 – Setor de Bacteriologia, Laboratório Central do Estado do Paraná, São José dos Pinhais, PR.

5 – Hospital de Clínicas de Porto Alegre, Serviço de Neonatologia, Porto Alegre, RS.

6 – Centro de Diagnóstico de Sanidade Animal, BR153, km 110, Concórdia, SC.

Extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) are responsible for various infections outside the gastrointestinal tract in humans, farm animals, and pets. Newborn meningitis-causing *E. coli* (NMEC), one of the ExPEC sub-pathotypes, has in the last 30 years emerged as the major cause of neonatal meningitis among premature neonates with very low birth weight (<1.5 kg). Because all we know about NMEC epidemiology comes from North America and Europe, the aim of this work is to establish the first collection of genomically characterized NMEC strains from Brazil. Until now, we gathered 59 NMEC isolated from the cerebrospinal fluid of ill patients: 12 isolates from São Paulo (Instituto Adolfo Lutz), 38 from Bahia (UFBA), eight from Paraná (LACEN), and a recent one from Porto Alegre (HCPA). The phylogenetic analysis by pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) of the isolates (excluding the one from HCPA) revealed five pairs of clones, four among the UFBA and one among the IAL, and a varied profile of the remaining isolates. DNA of the isolates were extracted using a ThermoFisher kit and sent to Illumina sequencing. The genomes of the 12 isolates from São Paulo have already been characterized (manuscript in preparation), and sequencing of the isolates from Bahia and Paraná ($n = 46$) is under way at INTA – CIMMYT (Argentina-Mexico). The resulting Illumina NovaSeq 6000 files will be assembled by the *de novo* approach, the genomes will be annotated using Prokka, and the core and the pangenome will be identified with the Roary software. Genomes will be analysed *in silico* for their phylogenetic status, serotype, multilocus sequence type (MLST) and ExPEC-associated virulence genes, and will be compared to the genomes of ExPEC model strains. Meanwhile, we used the yeast agglutination assay to test the production of type 1 fimbriae, a key ExPEC virulence factor: among the 12 IAL isolates, six agglutinated; among the UFBA, 20; and among LACEN-PR, five. The phenotype of yeast agglutination will be confronted with the presence (or absence) of the *fim* operon in the genomes of the isolates. Accordingly, production of siderophores, tested in Chrome Azurol S agar plates, will be confronted with the presence of known siderophore-encoding genes in their genomes. This will be the first collection of characterized NMEC strains in Brazil. Because of our similar social-economical conditions, our data may serve as a parameter for future studies on NMEC also in other South American and African countries.

Palavras-chave: *E. coli* K1, Neonatal Meningitis, Neonatal Meningitis-causing *E. coli*, NMEC, PFGE, Whole Genome Sequence

Agências de fomento: CAPES, PPSUS/FAPERGS

QUALIDADE MICROBIOLÓGICA DE SANEANTES

Barbosa Junior, A.M.¹, Campos, N. B.¹, Silva, F. V.¹, Andrade, B. S. de¹

amjunior@academico.ufs.br

1 – Laboratório de Microbiologia Aplicada – LMA, Coleção de Cultura de Micro-organismos de Sergipe – CCMO/SE – Universidade Federal de Sergipe – UFS.

Saneantes são produtos que estabelecem a higienização e a conservação de ambientes podendo ser esterilizantes, desinfetantes e antissépticos. O uso apropriado de desinfetantes tem como objetivo reduzir micro-organismos patogênicos. Como não existe um agente desinfetante ideal, deve-se definir a escolha seguindo amplo espectro de ação; ser atóxico e não irritante aos tecidos humano e animal; ter estabilidade na pele e custo acessível. Objetivo desse trabalho foi analisar e caracterizar o perfil de sensibilidade de bactérias e leveduras frente a saneantes comerciais de uso domiciliar e hospitalar. As linhagens microbianas testadas foram *Staphylococcus aureus* (isolado de nasofaringe), *Escherichia coli* (infecção do trato urinário) e *Candida albicans* (candidose orofaringe). Para metodologia de triagem foi realizada diluições dos saneantes (20) seguindo formas de uso conforme orientação dos fabricantes. Para a análise foram preparadas suspensões microbianas homogêneas de solução salina estéril (5,5mL) correspondendo ao tubo 5 da escala de McFarland (15×10^8 UFC/ML). Posteriormente, adicionou-se a suspensão bacteriana (1,2mL) nos tubos diluídos com saneantes (0,8mL) e cronometrou-se os tempos (15", 30" e 60") de exposição, para então realizar o repique da suspensão dessa mistura em caldo BHI em triplicata utilizando discos de transferências. A mistura foi incubada a 37°C durante 24 horas (bactérias) e 48h (levedura) para quantificação de escala de turvação. Como resultado foi analisado formação de película na superfície ou de precipitado no fundo dos tubos e todos os tubos positivos foram incubados em meio sólido para contagem de UFC. Estatística com ANOVA seguido de Teste Turkey $p < 0,01$. Como resultados, somente o saneante contendo cloreto de aquil amônio e cloreto de dialquil dimetil benzil amônio teve efeito frente a todas as cepas testadas. Das 20 marcas testadas, 57% dos saneantes não apresentaram efeitos antimicrobianos, 33% dos saneantes foram microbicidas e 10% microbiostático. Frente a *E. coli* foram 30% microbicida (cloro, ácido, triclosan e sulfonatos), *S. aureus* 45% microbicida (todos exceto álcool) e *C. albicans* 25% microbicida (cloro e clorexidina). Com efeito microbicida, os ingredientes ativos dos saneantes testados apresentaram: triclosan 75%, peróxido 75%, óxidos 75% e clorexidina 75%, cloro 42,85%, sulfonatos 22,3%, ácido 14%, e álcool 0%. Pode-se concluir que testes *in vitro* determinam a atividade antimicrobiana de um produto saneante, mas não a real capacidade de desinfecção de um ambiente. Há diversas situações interferentes que afetam essa ação de um composto ativo. Portanto há necessidade de utilização de outros testes *in vitro* tais como protocolos INCQS/ANVISA e adaptados de teste de microdiluição em caldo, modelo BrCast, para assim comparar e definir ação antimicrobiana de saneantes de usos domiciliar e hospitalar no Brasil.

Palavras-chave: desinfetantes, antissépticos, biocidas, antimicrobiano e Concentração Inibitória Mínima – CIM.

Agência de fomento: Grupo de Pesquisa CNPq Microbiologia Aplicada, FAPITEC/SE e CNPq

TERAPIA FOTODINÂMICA MEDIADA POR HIPERICINA-P123 INDUZ A VIA NECRÓTICA NO FUNGO
Microsporum canis

Camila Barros Galinari¹; Tiago de Paula Bianchi², Pollyanna Cristina Vicenzi Conrado¹, Patrícia de Souza Bonfim de Mendonça³, Terezinha Inez Estivalet Svidzinski³

E-mail para contato: camisgalinari@gmail.com

¹Acadêmico de Pós-Graduação (Doutorado) em Biociências e Fisiopatologia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá/PR

²Acadêmico de Graduação em Biomedicina, Universidade Estadual de Maringá

³Docente – Departamento de Análises Clínicas e Biomedicina, Universidade Estadual de Maringá

Introdução: A Terapia Fotodinâmica (TFD) vem demonstrando eficiente inativação do fungo *Microsporum canis*. Este tratamento consiste na combinação de um fotossensibilizador (FS) com uma fonte de luz, na presença de oxigênio. Tal associação ocasiona a produção de espécies reativas de oxigênio e oxigênio singleto, que são capazes de induzir a morte celular por necrose ou apoptose. A utilização da Hipericina nanoencapsulada (Hip-P123) como FS para atividade antifúngica é capaz de aprimorar esta competência. **Objetivo:** Avaliar a indução da via de morte necrótica no fungo *M. canis* após tratamento com TFD-Hip-P123. **Materiais e Métodos:** *M. canis* foi suspenso a concentração de 1.10^5 conídios/mL. Posteriormente, 6,25 $\mu\text{Mol/L}$ de Hip-P123 foram adicionados aos poços e levado a incubação por 2h no escuro à 25°C. Após incubação a placa foi irradiada por um LED branco quente por 20 min (37,8 J/ cm^2). Em seguida, a suspensão foi lavada duas vezes e ressuspensa em 300 μL de salina estéril. Para detecção de necrose foi adicionado 3 μL do marcador Iodeto de Propídio (IP). A internalização do IP nos microconídios após o tratamento foi avaliada por citometria de fluxo (BD FACSCalibur™) e para detectar a fluorescência do marcador foram contados 10.000 eventos. **Resultados:** Comparando as amostras de *M. canis* tratadas com TFD-Hip-P123 que foram marcadas com IP e as tratadas sem marcação, foi possível observar aumento de 60% das células internalizadas pelo marcador. O que evidencia a lesão causada na membrana dos microconídios após o tratamento. **Conclusão:** Estes resultados demonstram que a inativação do *M. canis* pela TFD-Hip-P123 é mediada por meio da via de morte necrótica, já que o PI é um marcador específico para lesão em membrana.

Palavras-chave: terapia fotodinâmica; mecanismo de ação; hipericina.

Financiador (es): Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq

MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DO GENOMA MITOCONDRIAL DO FUNGO PATOGENICO DE INTERESSE VETERINÁRIO *Malassezia equina* (Malasseziales, Exobasidiomycetes)

Alexandre Santos Simeone¹, Rafaela de Campos Oliveira², Gabriel Huszcz¹, Gledison Eric Teixeira¹, Renan Rocha¹, Igor H. Rodrigues Oliveira³, David Aciole Barbosa¹, Daniela L. Jabes¹, Karine F. Kavalco³, Rubens Pasa³, Luiz R. Nunes⁴, Regina Costa de Oliveira¹ Fabiano B. Menegidio^{1,2}

simeonealexandre.bio@gmail.com

1 – Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

2 – Núcleo de Pesquisas Tecnológicas, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

3 – **Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva**, Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba, MG, Brasil

4 – Centro de Ciências Humanas e Naturais, Universidade Federal do ABC, São Bernardo do Campo, SP, Brasil

Malassezia equina é um fungo basidiomiceto pertencente à família Malasseziaceae e encontrado originalmente em amostras de tecido de ânus de cavalos, podendo também ser encontrada em bovinos, sendo causadora de quadros clínicos de dermatite. Contudo, mais informações a respeito do perfil molecular da espécie, bem como, seu mitogenoma e qual sua influência durante a interação patógeno-hospedeiro, ainda permanecem ausentes na literatura científica. Assim, o presente estudo buscou montar, anotar e caracterizar, pela primeira vez, o genoma mitocondrial de *M. equina* a partir de dados de sequenciamento disponíveis em bancos de dados públicos. Para isso, foram obtidas sequências oriundas de *Whole Genome Sequencing* (WGS) a partir do banco de dados SRA do NCBI. Os dados brutos foram importados para a plataforma *Galaxy Europe* e usada a ferramenta NOVOplasty v4.3.1 com o mitogenoma de *M. japonica* como semente. Após, o programa MitoS2 foi utilizado para anotar funcionalmente o mitogenoma (*GeneCode* 3 – *Yeast* e o banco de dados RefSeq 89 Fungi). O mitogenoma obtido mostrou-se semelhante ao de outros do gênero, com o tamanho de 27,284 pb (32,9% GC), 14 genes codificadores de proteína, 18 tRNA, além de 2 rRNA, compreendendo assim 13,437 bp (49,2%) da região gênica do presente mitogenoma. Os resultados deste trabalho fornecem informações que expandem o conhecimento a respeito do mitogenoma de *M. equina*. As informações dos dados de seu mitogenoma completo possuem potencial para contribuir com o desenvolvimento de protocolos para tratamentos mais eficazes contra infecções causadas pelo fungo, na compreensão da interação entre patógeno-hospedeiro e na resolução de conflitos taxonômicos das relações evolutivas e ecológicas desta família de leveduras.

Palavras-chave: *Malassezia equina*, mitogenoma, genoma mitocondrial, doenças de pele

Agência de fomento: O estudo foi financiado em partes pela Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de nível Superior Brasil CAPES (www.capes.gov.br) e Conselho Nacional de desenvolvimento científico e tecnológico CNPq (www.gov.br/cnpq/pt-br).

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

Avaliação da atividade antimicrobiano do extrato e da infusão de *Camellia sinensis* em cepas de *Staphylococcus aureus*.

SOUZA L.H.N.¹, SANTOS I.C.², GONÇALVES D.D.³, BARBOSA L.N.⁴, FERREIRA L.E.N.⁵, MELLO P.L.⁶

nunessouzalh@gmail.com

1 Discente e 5,6 Docentes do Programa de Pós-Graduação da Universidade Guarulhos - UNG

2 Discente e 3,4 Docentes da Universidade Paranaense – UNIPAR

Introdução: *Camellia sinensis* popularmente conhecido como chá verde, vêm sendo abordado em diversas pesquisas por conta de suas propriedades medicamentosas. Estudos demonstraram efeitos antimicrobianos contra uma variedade de bactérias Gram positivas e Gram negativas, alguns fungos e uma variedade de vírus. **Objetivo:** Avaliar *in vitro* a atividade antimicrobiana do extrato e da infusão de *Camellia sinensis* em cepas de *Staphylococcus aureus*. **Materiais e métodos:** Para obtenção do extrato de *C. sinensis*, as folhas foram submetidas a técnica de maceração (20% p/v) em solução hidroalcoólica a 60%, homogeneizada 3 vezes ao dia por 8 dias a 45°C, posteriormente a solução foi filtrada, liofilizado e preservada em freezer - 20°C, para realização das análises o extrato foi ressuspendido em caldo de *Brain Heart Infusion* (BHI). Para o preparo da infusão, foi utilizado água potável previamente aquecida a 100°C e posteriormente, as folhas trituradas e secas foram submergidas por aproximadamente 3 minutos. As cepas de *S. aureus* selecionadas foram as *American Type Culture Collection* (ATCC) número: 33591; 29213; 23235 e 14458. Para a análise da concentração inibitória mínima (CIM) foi preparado diferentes microplacas para cada ATCC, expostas as concentrações: para o extrato 500; 400; 300; 200 e 100 µg/mL e para a infusão 17,5; 14; 10,5; 7 e 3,5 mg/mL de *C. sinensis*. As microplacas foram mantidas em estufa a 37,0°C por 24 horas e após o período de tratamento foi realizado a leitura através do crescimento ou não crescimento microbiano nos poços. **Resultados:** Após a execução dos ensaios *in vitro* para determinar o CIM, com 3 replicações do ensaio para cada concentração, não houve crescimento em nenhum dos poços com infusão de *C. Sinensis*. Nos poços com o extrato de *C. sinensis*, houve crescimento em todas as ATCC's com menos de 300 µg/mL do extrato, porém, na concentração de 400 µg/mL somente a ATCC 23235 apresentou crescimento e acima de 500 µg/mL do extrato não foi verificado crescimento em nenhuma das ATCC's. **Conclusão:** Foi demonstrado que altas concentrações tanto do extrato concentrado, assim como da infusão de *C. sinensis*, inibem o crescimento bacteriano das diferentes cepas de *S. aureus*, demonstrando a atividade antimicrobiana do fitoterápico, todavia, estudos mais aprofundados dos compostos fitoquímicos são necessário para garantir a segurança em possíveis terapias.

Palavras-chave: *Camellia sinensis*; Ação Antimicrobiana; *Staphylococcus aureus*; Resistência a Meticilina.

Agência de fomento: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DO GENOMA MITOCONDRIAL DO FUNGO PATOGENICO *Malassezia caprae*

Rafaela de C. Oliveira², Alexandre Santos Simeone¹, Gabriel Huszcz¹, Gledison Eric Teixeira¹, Renan Rocha¹, Igor H. Rodrigues Oliveira³, David Aciole Barbosa¹, Daniela L. Jabes¹, Karine F. Kavalco³, Rubens Pasa³, Luiz R. Nunes⁴, Regina Costa de Oliveira¹, Fabiano B. Menegidio^{1,2}

(campos.oli.rafaela@gmail.com)

1 – Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

2 – Núcleo de Pesquisas Tecnológicas, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brasil

3 – Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva, Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba, MG, Brasil

4 – Centro de Ciências Humanas e Naturais, Universidade Federal do ABC, São Bernardo do Campo, SP, Brasil

Malassezia caprae é um fungo lipofílico (lipídio-dependente) pertencente à família Malasseziaceae de importância veterinária podendo ser encontrado em doenças tegumentares de cabras, existindo também um relato em cavalos. O fungo foi observado pela primeira vez em 2005, durante um estudo molecular de cepas relacionadas a *Malassezia sympodialis* em animais domésticos, sendo descrita como uma nova espécie do gênero *Malassezia*, junto com *M. equina*, em 2007. A literatura sobre essa espécie até o presente momento é escassa. Dessa forma, mais informações sobre o organismo e seu genoma mitocondrial (mitogenoma) são importantes para um melhor entendimento da relação biológica patógeno-hospedeiro, das patologias associadas a essa espécie e dos seus possíveis hospedeiros. Nesse contexto, o presente estudo buscou montar, anotar e caracterizar, pela primeira vez, o mitogenoma da espécie *M. caprae* a partir de dados de sequenciamento disponíveis em bancos de dados públicos. Para isso, obtivemos o genoma completo (Whole genome sequencing, WGS) a partir do banco de dados Sequence Reads Archive (SRA) do NCBI. Os dados brutos foram importados para a plataforma Galaxy Europe, sendo utilizado o NOVOplasty v 4.3.1. para a montagem do genoma mitocondrial e a ferramenta mitos2 (*GeneCode 3 – Yeast* e o banco de dados RefSeq 89 Fungi) para posterior anotação funcional. Segundo nossa caracterização, o mitogenoma da espécie apresentou tamanho de 25,254 pb, 14 genes codificadores de proteína, 18 tRNA e 2 rRNA, sendo o menor mitogenoma já descrito para o gênero e com a maior concentração de GC (33,7%). Os resultados deste estudo fornecem informações e aprimoram a compreensão sobre o mitogenoma de *M. caprae*. As informações dos dados do mitogenoma completo de *M. caprae* possuem potencial na elaboração de tratamentos mais eficazes contra a infecção resultada pelo patógeno, na compreensão da associação patógeno-hospedeiro e para resolver problemas taxonômicos, das relações evolutivas e ecológicas da espécie.

Palavras-chave: *Malassezia caprae*, mitogenoma, genoma mitocondrial, doenças de pele

Agência de fomento: O estudo foi financiado em partes pela Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de nível Superior Brasil CAPES (www.capes.gov.br) e Conselho Nacional de desenvolvimento científico e tecnológico CNPq (www.gov.br/cnpq/pt-br).

Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

RASTREIO DA VARIANTE ÔMICRON ATRAVÉS DE GENOTIPAGEM NA CIDADE DE PORTO ALEGRE/RS

Victória Borgmann A. de Souza¹, Vanise Pereira de Medeiros^{1,2}, Henrique Leal de Oliveira¹, Joao Vitor Barboza Cardoso¹, Carolina Vaccari Batista¹, Sara Hartke¹, Gabriela Pasqualim^{1,3}, Ilma Simoni Brum^{1,2}

borgmannvictoria@gmail.com

1 Laboratório de Biologia Molecular, Endócrina e Tumoral, Departamento de Fisiologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

2 Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas : Fisiologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

3 Laboratório de Genética, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande.

Durante a pandemia de COVID-19, o vírus SARS-COV-2 sofreu inúmeras mutações, que muitas vezes resultaram em variantes de preocupação (VOCs). Em novembro de 2021, a variante Ômicron foi relatada na África do Sul. Desde então, se disseminou rapidamente pelo mundo e deu origem a diversas sublinhagens. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi rastrear a presença da Ômicron na cidade de Porto Alegre, no Sul do Brasil, de novembro de 2021 a maio de 2022. Para isso, cerca de 4% das amostras com diagnóstico molecular positivo para o COVID-19 realizado no ICBS/UFRGS foram selecionadas de forma aleatória. Foi realizada triagem das VOCs através de um painel de ensaios Taqman para as mutações S:T20N, S:P681R e S:K417N. O rastreamento foi conduzido por uma estratégia em camadas: 1) Análise da presença das mutações S:T20N e S:P681R, características das variantes Gamma e Delta, respectivamente; 2) Avaliação da presença de S:K417N, combinada a resultado indeterminado para S:P681R, característicos da variante Ômicron; 3) Diferenciação das sublinhagens BA.1 e BA.2 através do perfil de negativo e indeterminado de S:T20N, respectivamente. Ao total, foram analisadas 1019 amostras, o que corresponde a cerca de 1% dos positivos da cidade de Porto Alegre no período. Cerca de 0,2% das amostras obtiveram resultados inconclusivos e 12,4% foram classificadas como Delta, correspondendo a 100% das amostras de novembro, 34,9% de dezembro, 3,3% de janeiro e 0,6% de fevereiro. No total, 87,4% das amostras foram classificadas como Ômicron. A primeira foi identificada em dezembro de 2021, de um viajante dos EUA e em janeiro esta VOC já representava mais de 95% do total. Entre as sublinhagens, a BA.1 manteve-se prevalente de dezembro a abril (99% a 75%). A BA.2 foi detectada inicialmente em janeiro, aumentando gradativamente sua frequência, até atingir 100% das identificações em maio. Em conclusão, observamos que a partir do início da sua circulação na cidade, a Ômicron rapidamente substituiu as demais VOCs, o que está de acordo com o observado no Estado. Além disso, identificamos os primeiros casos tanto do perfil BA.1, quanto BA.2 em Porto Alegre.

Palavras-chave: SARS-CoV-2; Ômicron; genotipagem; VOCs

PREVALÊNCIA DE RINOTRAQUEITE INFECCIOSA BOVINA (IBR) EM REBANHO NA ESTAÇÃO EXPERIMENTAL DE LAGES, SC

Maicon Gaissler Lorena Pinto², João Frederico Mangrich dos Passos¹, Sandra Denise Camargo Mendes¹

(mendes@epagri.sc.gov.br)

1 – Epagri/Estação Experimental de Lages -Santa Catarina

2 – Epagri/Estação Experimental de Canoinhas- Santa Catarina

A Epagri/Estação Experimental de Lages (Epagri/EEL) possui um rebanho com 120 vacas e com taxas altas de mortalidade de fetos, a identificação da possível causa deste índice como sendo viral, trará a possibilidade de uma diagnose e planejamento de medidas de remediação e profiláticas mais acertivas para um aumento de rendimento produtivo no rebanho. O presente trabalho teve como objetivo estimar a prevalência aparente e a prevalência verdadeira de animais reagentes para IBR, Rinotraqueite Infecciosa Bovina. Foram coletadas, em um rebanho da Epagri/EEL durante o ano de 2020, as amostras de sangue de 120 fêmeas bovinas com aptidão para corte e mista, da raça flamenga ou cruzada. Para o diagnóstico da IBR foram coletados com auxílio de tubos contendo vácuo diretamente da veia caudal, sem uso de anticoagulante, para a separação do soro sanguíneo. Para a pesquisa dos anticorpos contra o BoHV-1, utilizando-se os kits de ELISA indireto IDEXX IBR gB X3 Ab. Dos 108 animais, reagiram positivamente para BoHV-1, 12 reagiram positivamente. A prevalência aparente e verdadeira estimada para BoHV-1 foi de 0,11 % (12/108), calculada levando-se em consideração a especificidade e a sensibilidade informada nos kits de ELISA, foi estimada em 11,1% e 11,4%, respectivamente. Apenas 01 animal apresentou resultado suspeito. Constatou-se ainda que valores preditivos positivos verdadeiros ($=0,92$), enquanto que os valores preditivos negativos ($=0,98$). Diante da prevalência aparente muito baixa deste rebanho, considerando que o rebanho não tem contato com outros animais, a prevalência desta doença ainda é desconhecida.

Palavras-chave: especificidade , doença desconhecida, raça flamenga.

Agência de fomento: Fapesc

Criptococose em felino oriundo de Porto Alegre: relato de caso

Gabriele Casagrande¹, Paola Andressa Neves Luna¹, Jaeli Fernanda Maule Girelli¹, Simara Ackermann¹, Mabel Martins Pacheco², Liziane Bertotti Crippa³, Diane Alves de Lima³

(gabriele_casagrande@yahoo.com.br)

1 – Acadêmica do curso de Medicina Veterinária do Centro Universitário da Serra Gaúcha- FSG, Caxias do Sul.

2 – Médica Veterinária autônoma.

3 – Docente do curso de Medicina Veterinária do Centro Universitário da Serra Gaúcha- FSG, Caxias do Sul.

A criptococose é uma enfermidade sistêmica causada por fungos do gênero *Cryptococcus*, os quais acometem principalmente indivíduos imunocomprometidos. Por ser uma doença de caráter zoonótica e potencialmente fatal, a criptococose possui grande relevância na saúde pública. O presente trabalho tem por objetivo relatar um caso de criptococose em um felino atendido em uma clínica veterinária particular situada no município de Porto Alegre. Em novembro de 2021, foi recebido para atendimento um felino com cerca de dois anos de idade, sem raça definida, macho e não castrado. De acordo com o responsável, tratava-se de um animal errante que havia sido resgatado para realizar o procedimento de castração. Durante o exame clínico, foi observado aumento de volume em região nasal com presença de lesão ulcerada medindo cerca de dois centímetros de diâmetro. Após a avaliação clínica, o paciente foi testado para o vírus da leucemia felina (FELV) e para o vírus da imunodeficiência felina (FIV), apresentando resultado positivo para este último. Em adição, foi realizada a coleta de material da lesão nasal por *imprint* e enviado para citologia. A avaliação citológica revelou presença de elevada celularidade, composta predominantemente por macrófagos intensamente ativados, contendo estruturas de formato redondo envoltas por uma cápsula, sendo estruturas sugestivas de leveduras de *Cryptococcus* sp. Após o diagnóstico, foi recomendado tratamento com itraconazol 10 mg/kg a cada 12 horas durante pelo menos 90 dias. Entretanto, em razão da impossibilidade de tratamento do paciente, por tratar-se de animal errante e agressivo, foi indicada a eutanásia. O fato do animal ser positivo para FIV pode ter influenciado no desenvolvimento da lesão, uma vez que o vírus causa imunodeficiência. O diagnóstico por citologia da lesão mostrou-se efetivo para confirmação rápida de criptococose. Desta forma, é relevante o tratamento precoce das lesões e terapêutica do animal, assim como impedir que o felino entre em contato com o fungo, principalmente em pacientes infectados com a FIV.

Palavras-chave: Micose Sistêmica, Zoonose, Gatos, *Cryptococcus* sp.

MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO *IN SÍLICO* DO GENOMA MITOCONDRIAL DO FUNGO PATOGENICO DE INTERESSE DERMATOLÓGICO *Malassezia dermatis* (Malasseziales, Exobasidiomycetes)

Gabriel Huszcz¹, Rafaela C. Oliveira², Igor H. Rodrigues Oliveira³, David A. Barbosa¹, Daniela L. Jabes¹, Karine F. Kavalco³, Rubens Pasa³, Luiz R. Nunes⁴, Fabiano B. Menegidio^{1,2}

fabianomenegidio@umc.br

1 – Integrated Biotechnology Center, University of Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brazil

2 – Technological Research Center, University of Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, SP, Brazil

3 – Laboratory of Ecological and Evolutionary Genetics, Federal University of Viçosa, Rio Paranaíba, MG, Brazil

4 – Center for Natural and Human Sciences, Federal University of ABC, São Bernardo do Campo, SP, Brazil

M. dermatis é um fungo lipofílico da família Malasseziaceae, encontrado em doenças tegumentares tal qual a dermatite atópica (DA) e a dermatite seborreica, porém a participação da espécie na patogenia da DA ainda não é totalmente entendida. O fungo foi descoberto em 2002 em amostras de pele de pacientes com DA. O gênero apresenta diversas espécies de grande importância em doenças de pele e até, mais recentemente, em patologias inflamatórias que acometem o intestino, como doença de Crohn e síndromes metabólicas como a caquexia. Dada sua importância, mais informações sobre o organismo, como seu genoma mitocondrial (mitogenoma), são fundamentais para melhor entendimento da biologia patógeno-hospedeiro, e conseqüentemente, das patologias. Nesse contexto, o presente estudo buscou montar, anotar e caracterizar pela primeira vez o mitogenoma da espécie a partir de dados de sequenciamento disponíveis em bancos de dados públicos. Para isso, obtivemos dados de sequenciamento de genoma completo (Whole Genome Sequencing, WGS) a partir do banco de dados Sequence Reads Archive (SRA) do National Center for Biotechnology Information (NCBI). Os dados brutos foram importados para a plataforma Galaxy Europe e usamos a ferramenta Novoplasty com o mitogenoma de *M. japonica* como semente para a montagem do genoma mitocondrial, anotando-o através do programa MitoS2 usando o código genético 3 de Fungo e o banco de dados RefSeq 89 Fungi. Após a montagem e anotação, obtivemos um mitogenoma semelhante ao de outros fungos próximos, com o tamanho de 38.991 pb, 15 genes codificadores de proteína, 25 tRNA e 2 rRNA. Além disso, observamos a presença de três regiões intergênicas da endonuclease LAGLI-DADG. Também identificamos uma concentração de GC de 31,6%, sendo que 14.103 pb (36,2%) do mitogenoma era composto pela região gênica. Com isso, o genoma mitocondrial e as informações a partir desses dados podem contribuir para o melhor entendimento das patologias causadas pela espécie, assim como na elaboração de tratamentos mais eficazes, além de ser uma ferramenta importante para futuras análises filogenéticas. Assim, o presente estudo e a caracterização do mitogenoma de *M. dermatis* pode colaborar com o melhor entendimento da espécie e seus mecanismos patogênicos, sendo também um recurso valioso para análises filogenéticas.

Palavras-chave: *Malassezia dermatis*, mitogenoma, genoma mitocondrial, doenças de pele

Agência de fomento: O estudo foi financiado em partes pela CAPES (www.capes.gov.br) e CNPq (www.gov.br/cnpq/pt-br).

Modalidade Parasitologia

Realização



Patrocínio



Apoio



PREVALENCE OF FREE-LIVING AMOEBAE IN SWIMMING POOLS AND RECREATIONAL WATERS, A SYSTEMATIC REVIEW AND META-ANALYSIS

Beni Jequicene Mussengue Chaúque^{1,2}, Denise Leal dos Santos¹, Davood Anvari³ and Marilise Brittes Rott¹

(marilise.rott@ufrgs.br)

¹ Laboratory of Protozoology, Department of Microbiology, Immunology and Parasitology, Institute of Basic Health Sciences, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brazil.

² Department of Science, Technology, Engineering and Mathematics, Universidade Rovuma, Niassa Branch, Mozambique.

³ Faculty of Medicine, Iranshahr University of Medical Sciences, Iranshahr, Iran

Free-living amoebae (FLA) are cosmopolitan microorganisms known to be pathogenic to humans who often have a history of contact with contaminated water. Swimming pools and recreational waters are among the environments where the greatest human exposure to FLA occurs. This study aimed to determine the prevalence of FLA in swimming pools and recreational waters, through a systematic review and meta-analysis that included studies published between 1977 and 2022. 106 studies were included and an overall prevalence of FLA in swimming pools and recreational waters of 44.34% (95% CI= 38.57– 50.18) was found. Considering the studies published up to 2010 (1977 - 2010), between 2010 and 2015, and those published after 2010 (>2010 - 2022) the prevalence were 53.09% (95% CI= 43.33 – 62.73) and 37.07% (95% CI= 28.87 – 45.66) and 45.40% (95% CI= 35.48 – 55.51), respectively. The highest prevalence was found in the American continent (63.99 %), in Mexico (98.35 %) and in indoor hot swimming pools (52.27%). The prevalence varied with the variation of FLA detection methods, morphology (57.21%), PCR (25.78%), and simultaneously morphology and PCR (43.16%). The global prevalence by genera were *Vahlkampfia* spp. (54.20%), *Acanthamoeba* spp. (33.47%), *Naegleria* spp. (30.95%), *Hartmannella* spp. *I Vermamoeba* spp. (20.73%), *Stenamoeba* spp. (12.05%) and *Vannella* spp. (10.75%). There is considerable risk of FLA infection in swimming pools and recreational waters. Recreational water safety needs to be routinely monitored and, in case of risk, locations need to be identified with warning signs and users need to be educated. Swimming pools and artificial recreational water should be properly disinfected. Photolysis of NaOCl or NaCl in water by UV-C radiation is a promising alternative to disinfect swimming pools and artificial recreational waters.

Palavras-chave: Free-living amoebae, risk of infection, swimming pool, recreational waters

Agência de fomento: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior)

Free-living amoebae in context of One Health approach

Denise Leal dos Santos¹, Beni Jequicene Mussengue Chaúque¹, Veridiana Gomes Virginio¹, Christina Pettan-Brewer², Henri Stephan Schrekker³, Marilise Brittes Rott¹

(delealsantos1970@gmail.com)

1-Protozoology Laboratory, ICBS, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brazil.

2-Department of Comparative Medicine, School of Medicine, University of Washington, Seattle, WA, USA.

3-Laboratory of Technological Processes and Catalysis, Institute of Chemistry, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brazil.

The concept of the One Health approach is based on the intersection of human, animal, plant and environmental health. The loss of biodiversity and habitat fragmentation caused by deforestation, in addition to human contact with forest areas, create an ideal scenario for the spread of microorganisms, favoring the emergence of diseases. Among the potentially pathogenic microorganisms, free-living amoebae (FLA), are widely distributed protozoan, which have been isolated from diverse environments (water, air and soil). Among the FLA, the genera *Acanthamoeba* and *Naegleria* cause encephalitis and the first one also causes keratitis in humans and animals. *Acanthamoeba* spp. are considered the Trojan horse of the microbial world playing a role in the spread of bacteria in the environment and living beings. Some bacteria (*Mycobacterium avium*, *Vibrio cholerae*, *Legionella pneumophila*, among others) are food sources for FLA, at the same time they can resist to phagocytosis and multiply within them and serve as an environmental reservoir and vectors transmitting them to humans and animals. In recent years, research has shown that although there are more reports of keratitis by *Acanthamoeba* spp. in humans, especially in contact lens wearers, animals such as dogs and cats have been affected by the disease. *Naegleria fowleri* is a thermophilic protozoan that causes Primary Amebic Meningitis (PAM), a highly lethal disease. Its occurrence and dispersion in the environment have increased due to climate change, especially in relation to the increase in temperature in recent decades. In the USA there were, until the year 2020, 151 cases in humans, with only 5 survivors. Here in southern Brazil, the municipality of Glorinha, two cases of PAM in cattle were reported (2017 and 2019, respectively). The One Health approach is extremely important, because can be inserted in the context of the dispersion of FLA. Therefore, the holistic view of the One Health approach is increasingly necessary in understanding how the dispersion of these microorganisms occurs in the environment and how we can avoid the diseases caused by them.

Key words: One Health approach, *Acanthamoeba* spp., *Naegleria fowleri*, climate change.

Development agency: CAPES

ISOLAMENTO E IDENTIFICAÇÃO DE *ACANTHAMOEBA* NO PERÍODO DO VERÃO A PARTIR DE ESTAÇÕES DE TRATAMENTO DE ESGOTO EM PORTO ALEGRE, BRASIL

Thaisla Cristiane Borella da Silva¹, Marilise Brittes Rott¹

(thaislacristiane@gmail.com)

1 – Laboratório de Parasitologia, ICBS, UFRGS

Acanthamoeba é um dos diversos gêneros de Amebas de Vida Livre (AVL), encontrados na natureza, caracterizando-se por serem amebas anfitriônicas e oportunistas/patogênicas, podendo causar infecções em humanos e outros animais. Além disso, *Acanthamoeba* spp. podem carrear bactérias, fungos, vírus e até protozoários dispersando-os. Podem ser encontradas no solo, ar e água e apresentam-se sob duas formas, a de cisto (forma dormente) e a de trofozoíto (forma vegetativa). Sob forma trofozoítica nutrem-se de bactérias e detritos do meio ambiente e sob condições extremas de temperatura e pH formam um cisto resistente. Isso ajuda a explicar a detecção desses organismos na água de abastecimento público, piscinas e outras fontes de água tratada. Diante disso, este estudo visou analisar a distribuição deste protozoário em amostras oriundas de 8 estações de tratamento de esgoto que estão em funcionamento em Porto Alegre, Brasil, no período do verão - nos meses de janeiro e fevereiro de 2022-, avaliando-se o esgoto não tratado e o tratado. Foram coletadas 17 amostras de 1 litro de cada tipo de esgoto e levadas ao laboratório de Protozoologia da UFRGS decantadas por 24hs em cálices de sedimentação. Em seguida os sedimentos foram centrifugados e inoculados em placas de Petri com ágar não-nutriente recoberto com uma camada de *Escherichia coli*. As placas foram acompanhadas por até 15 dias e assim que positivas foram repicadas até obter-se uma cultura monoxênica. Em seguida realizou-se clonagem celular dos isolados presentes e realizou-se caracterização morfológica, teste de exflagelação, para exclusão de *Naegleria fowleri* e caracterização molecular por PCR e posterior sequenciamento. Até o presente momento, obtivemos os seguintes resultados: de 19 isolados analisados, 89 % foram morfológicamente compatíveis com o gênero *Acanthamoeba*, sendo 3 deles identificados como pertencentes ao gênero *Acanthamoeba* através da PCR. Nenhum dos isolados estudados apresentou exflagelação. A investigação desses protozoários reveste-se de grande importância, visto que podem por si só causar doenças ou carrear outros microrganismos patogênicos. Sua presença no esgoto reflete possíveis riscos à saúde, visto que o esgoto tratado é liberado no lago Guaíba e diversas pessoas fazem uso dessas águas para recreação podendo se expor a esses microrganismos.

Palavras-chave: tratamento de esgoto, ETE, amebas

Agência de fomento: CAPES

PREDIÇÃO METABÓLICA DA COMUNIDADE BACTERIANA DE LARVAS DE *Aedes aegypti* E *Aedes albopictus* EXPOSTAS A SAIS IMIDAZÓLICOS

Harry Luiz Pilz Júnior¹, Alessandra Bittencourt de Lemos¹, Wellington Silva Junior¹, Edmilson dos Santos², Jáder da Cruz Cardoso², Gertrudes Corção; Henri Stephan Schrekker³; Onilda Santos da Silva¹ (harrypilz@gmail.com)

1 – Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, ICBS, UFRGS.

2 – Centro Estadual de Vigilância em Saúde do Rio Grande do Sul, Departamento de Vigilância Ambiental.

3 – Laboratório de Processos Tecnológicos e Catalise, Instituto de Química, UFRGS.

Aedes aegypti e *Aedes albopictus* são mosquitos de grande importância na saúde pública, uma vez que são competentes para transmitir arbovírus como dengue, Zika e Chikungunya. A microbiota bacteriana nos insetos influencia em vários aspectos metabólicos e na competência vetorial. Além disso, é relacionada à resistência frente a inseticidas. Assim, a avaliação de novas moléculas inseticidas, tais como os sais imidazólicos, é importante para entender e prever possíveis impactos, especialmente quanto a sua reposta metabólica. Dessa forma, uma dose subletal da molécula **C₁₈MImCl** foi exposta a larvas de *Ae. albopictus* e *Ae. aegypti* coletados em campo e a microbiota (controle e exposta) foi acessada pela amplificação do gene 16S rRNA e sequenciada na plataforma Illumina MiSeq v2 500 kit. Para a predição funcional da microbiota as análises foram realizadas através do pipeline QIIME 2 2019.10. As sequências fastq geradas, foram filtradas por qualidade pelo plugin q2-demux e DADA2. A tabela contendo as sequências variantes (ASVs) foram utilizadas para a inferência das vias metabólicas através do pipeline PiCRUST2 e comparadas com o banco de dados MetaCyc para estabelecer o perfil de cada rota metabólica em diferentes níveis. Para *Ae. albopictus*, não foi observado diferenças significativas entre o controle e exposto nas rotas de biossíntese ($p = 0,7274$) e degradação ($p = 0,9592$). Observa-se um aumento na abundância de rotas de biossíntese ligadas a cofatores, carreadores e vitaminas no grupo exposto. Para as rotas de degradação, nucleosídeos e nucleotídeos aumentam no grupo exposto e rotas de degradação de compostos aromáticos diminuem na presença do sal imidazólico. Para *Ae. aegypti*, não foi observado diferenças significativas entre o controle e exposto nas rotas de biossíntese ($p = 0,6413$) e degradação ($p = 0,8393$). Observando o grupo exposto, se observou um aumento das rotas de biossíntese de aminoácidos. Nas rotas de degradação destacam-se as de carboxilatos, compostos aromáticos e aminoácidos. Para ambas as espécies, duas rotas do glutamato são quase anuladas no grupo exposto (inosina 5'-fosfato e L-aspartato e L-asparagina), o glutamato é de suma importância na transmissão de impulsos nervosos em insetos e parte dele é produzido por aminoácidos essenciais que pode ter origem bacteriana. Dessa forma, conclui-se que a análise de predição metabólica pode auxiliar no entendimento do modo de ação de novas moléculas inseticidas.

Palavras-chave: Microbiota; Mosquitos; Controle químico; Inseticida; Líquidos Iônicos

Agências de fomento: FAPERGS: Decit/SCTIE/MS-CNPq-FAPERGS No 08/2020 (Programa Pesquisa para o SUS: Gestão Compartilhada em Saúde PPSUS), SEBRAE/CNPq/FUNDEP/CATALISA-ICT e CAPES.

ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE AMEBAS DE VIDA LIVRE PATOGÊNICAS EM AMBIENTES AQUÁTICOS EM PORTO ALEGRE, RS – RESULTADOS PRELIMINARES.

Brenda Teixeira Scardini Marinho¹, Marilise Brittes Rott¹

(brenda.scardini@hotmail.com)

¹Laboratório de Protozoologia, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil.

As amebas de vida livre (AVL) são protozoários ubíquos, sendo encontrados em diferentes ambientes na natureza, além de serem anfitriões, podendo ter vida livre ou adaptarem-se à vida parasitária. Podem ser responsáveis por diferentes infecções em animais e seres humanos. Algumas delas são potencialmente patogênicas/opportunistas e estão associadas a doenças que afetam o sistema nervoso central, além de infecções cutâneas e na córnea. Dada a relevância da problematização da presença das AVLs em ambientes aquáticos, o projeto visou o isolamento e a caracterização desses microrganismos no Arroio Dilúvio e no Lago Guaíba em Porto Alegre, RS. Amostras de 1L de água foram coletadas nos meses de verão de 2022 ao longo dos dois cursos hídricos e inoculadas em placas de ágar não-nutriente recoberto com *Escherichia coli* inativadas pelo calor. As placas foram acompanhadas por até 15 dias para verificar o desenvolvimento de amebas e em seguida as espécies amebianas presentes foram identificadas morfológicamente de acordo com os critérios estabelecidos por Page. Os resultados preliminares indicaram a presença de AVL em 100% dos pontos amostrados, que foram identificados por PCR como pertencentes aos gêneros *Acanthamoeba* e *Vermamoeba* nos dois ambientes de estudo. Esses gêneros possuem espécies que são responsáveis por doenças, o que indica que esses ambientes aquáticos e antropogênicos, que são de fácil acesso à população, e que são comumente utilizados como recreativos, podem servir como fontes de veiculação e contaminação por AVL, levantando um alerta para a saúde pública e saneamento da cidade.

Palavras-chave: Amebas de vida livre; *Acanthamoeba* spp.; *Vermamoeba vermiformis*; Infecções; Água recreativa.

Agência de fomento: CAPES

AValiação DA CONTAMINAÇÃO POR PROTOZOÁRIOS PATOGÊNICOS EM PISCINAS PRIVADAS CLORADAS, INTERNAS E EXTERNAS, DESTINADAS A RECREAÇÃO HUMANA EM CURITIBA E REGIÃO METROPOLITANA

José Augusto Juski Junior¹, Luciana Karbiak¹, Israel Adrian Ríos Cereza¹, Gustavo Strieder Scherer², Felipe Danyel Cardoso Martins³, Roberta Lemos Freire³, Karin Silva Caumo⁴, Diego Averaldo Guiguet Leal¹

(josejuski1995@gmail.com)

- 1 – Universidade Federal do Paraná (UFPR), Laboratório de Parasitologia Ambiental, Curitiba, PR.
- 2 – Laboratório Central do Estado (LACEN) – Unidade de Fronteira, Foz do Iguaçu, PR.
- 3 – Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, PR.
- 4 – Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC.

A ingestão acidental de águas recreacionais tratadas é considerada uma via de transmissão emergente de *Cryptosporidium* spp., e *Giardia* spp. Dados acerca da epidemiologia ambiental e molecular destes protozoários em piscinas são inexistentes em 26 das 27 unidades federativas do Brasil. O objetivo deste estudo foi avaliar a qualidade microbiológica e parasitológica de piscinas cloradas, internas e externas, utilizadas para fins recreacionais, esportivos, de rendimento de alta performance e de reabilitação terapêutica. Entre abril e setembro de 2022, 60 amostras de água (30 para pesquisa de parasitos / 30 análise de bactérias) de 16 piscinas da capital e região metropolitana do Paraná foram coletadas em cinco áreas: A1. Parque aquático (n = 3 piscinas sem aquecimento e água de poço artesiano que as abastece); A2. Associação privada (n = 2 aquecidas – adultos e infantil); A3. Academia (n = 7 aquecidas: 1 para bebês; 2 infantis; 1 gestantes e fisioterapia aquática e 3 adultos / treinamento para competições esportivas); A4. e A5. Escolas particulares (n = 2 aquecidas cada / infantis). Cada piscina foi amostrada ao menos duas vezes, com exceção da A1 fechada no período de frio. A pesquisa de *Escherichia coli* e *Enterococcus* sp. foi feita na água das piscinas por Colilert® e Enterolert® em NMP / 100mL. A contaminação por *Cryptosporidium* e *Giardia* foi avaliada na água de retrolavagem dos filtros das piscinas por filtração em membranas seguida de separação imunomagnética e visualização por reação de imunofluorescência direta (RID), DAPI e por DIC. A contaminação por *Giardia* também foi verificada pela amplificação de quatro marcadores moleculares por *Nested-PCR*: *tpi*, SSU rRNA, *gdh* e *bg* e, 18S para *Cryptosporidium*. A água do poço da A1 apresentou excelente qualidade microbiológica e ausência de protozoários. A contaminação fecal foi evidenciada nas piscinas internas e externas e as maiores taxas, detectadas nas piscinas do parque aquático, especialmente para *Enterococcus* sp. Pelo menos um protozoário patogênico foi detectado em 24,1% das piscinas por RID ou PCR. *Giardia* foi detectada com maior frequência (71,4%) e *Cryptosporidium* em 28,6%, porém, oocistos foram identificados em uma piscina de bebês. Este é o primeiro relato da presença de protozoários em parques aquáticos do país. Os resultados reforçam a necessidade do monitoramento de águas recreacionais tratadas, visto que a etapa de desinfecção usualmente aplicada não é capaz de inativar protozoários encistados.

Palavras-chave: Bactérias - *Cryptosporidium* – *Giardia* - Parque aquático – Piscinas.

Modalidade Ensino e Extensão

Realização



Patrocínio



Apoio



Anais do XIV Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada / VI Encontro Latinoamericano de Microbiologia Aplicada
Memorias del XIV Simposio Brasileño de Microbiología Aplicada / VI Encuentro Latinoamericano de Microbiología Aplicada

MICROBIOLOGANDO: CIÊNCIA FEITA COM TRUE NEWS

Patrícia Valente^{1*}, Bruno Lopes Breda¹, Matheus Becker Freitas¹, João Pedro Rodrigues Gonçalves¹, Carlos Eugênio Silva¹, Tiago Degani Veit¹

(patricia.valente@ufrgs.br)

¹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Blogs de divulgação científica são canais de comunicação cada vez mais utilizados para interação entre a Academia e a comunidade, cuja finalidade é disseminar o conhecimento científico/tecnológico em uma linguagem adequada à compreensão por um público que, em sua maioria, é composto por pessoas sem cultura científica sólida. Esse público é, por conta dessa fragilidade, muito suscetível à desinformação e disseminação do que é conhecido como Fake News. No contexto de uma emergente pandemia de COVID-19, em março de 2020, o Microbiologando (www.ufrgs.br/microbiologando) foi idealizado para servir ao propósito de diminuir a distância entre a população e a academia, fornecendo informações de qualidade e fácil acesso. Durante os anos de 2020 e 2021, o conteúdo das postagens acompanhou o desenvolvimento da ciência acerca das características epidemiológicas, clínicas e microbiológicas da pandemia de COVID-19, e o interesse do público leigo foi expressivo - as 334 publicações do site somam 2.498.048 acessos e 2.828 comentários. O conteúdo publicado no blog é selecionado a partir de artigos publicados em revistas científicas e repositórios de pré-impresões (medRxiv e bioRxiv), além de fontes relevantes como a OMS, o CDC dos EUA e a ANVISA. A temática do blog foi se modificando ao longo do tempo, com especial influência do interesse da população pelo tema "COVID-19". Enquanto 95% das postagens versaram sobre COVID-19 em 2020 e 2021, outros tópicos relacionados a Microbiologia, Imunologia e Parasitologia ganharam mais espaço entre as publicações no ano de 2022, perfazendo 73% das publicações neste ano. Ao longo de seus 30 meses de existência, o blog tornou-se projeto de extensão vinculado ao Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia da UFRGS, coordenado pelos professores do Instituto de Ciências Básicas da Saúde (ICBS) Patrícia Valente, Tiago Veit e Carlos Eugênio Silva, e já recebeu contribuições de alunos vinculados aos cursos de Medicina, Biotecnologia, Enfermagem e Jornalismo. O projeto segue consolidado como uma importante ferramenta de divulgação de informações confiáveis sobre tópicos de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia perenes na vida da população.

Palavras-chave: blog, divulgação científica, COVID-19

PROPOSIÇÃO DE UMA PERSPECTIVA ECOLÓGICO-EVOLUTIVA NA MICROBIOLOGIA COMO ESTRATÉGIA DIDÁTICA PARA AMPLIAR A COMPREENSÃO SOBRE O MUNDO MICROBIANO

Fernando Bueno Ferreira Fonseca de Fraga^{1*}, Bárbara Letícia Botura Schünemann²,
Rúbia Marília de Medeiros³

(fernando.bueno@ifsc.edu.br)

¹ Prof. Me. Instituto Federal de Santa Catarina (IFSC), Campus Criciúma

² Discente de Doutorado do PPG Botânica - UFRGS

³ Dra. Genética e Biologia Molecular - UFRGS

Desde o desenvolvimento do microscópio até os dias atuais, os conhecimentos da microbiologia nos levaram à conclusão de que vivemos em um mundo essencialmente microbiano. Apesar da sua ubiquidade, boa parte da população em geral relaciona os microrganismos apenas com processos de adoecimento e falta de higiene. Diversos estudos demonstram que essa associação também predomina entre estudantes de diferentes fases do Ensino Básico. Essa “visão pessimista” sobre os micróbios possui origem multifacetada e encontra suas raízes no próprio desenvolvimento da microbiologia como ciência, mas também na mídia e no ensino escolar de microbiologia focado em doenças. Neste sentido, a proposição de novas estratégias didáticas que possibilitem uma visão mais ampla sobre o papel dos microrganismos no planeta se torna urgente. A partir da reflexão sobre o problema exposto acima, as temáticas de ecologia e evolução foram escolhidas como norteadores para a elaboração de materiais paradidáticos. Após a seleção e leitura de artigos e livros-texto atualizados, foram elencados conteúdos prioritários nos quais ensino de microbiologia poderia ser desenvolvido a partir de uma perspectiva ecológico-evolutiva e não centrada em doenças. Foi então realizada a tradução (quando necessário) bem como a transposição didática do conhecimento da literatura científica para elaboração de textos didáticos com conteúdo atualizado sobre microbiologia. Os textos elaborados abordam os seguintes temas prioritários: a) Biologia celular: arquitetura procariótica x eucariótica, endossimbiose; b) Classificação biológica: domínios e árvore da vida, conceito de espécie, taxonomia exclusiva de vírus; c) Ecologia: simbiose, associações micorrízicas, decomposição e ciclos biogeoquímicos, cooperação e competição em biofilmes microbianos, relação hospedeiro-simbionte; d) Biodiversidade: diferenças entre fungos x plantas, diferenças de bactérias x arqueias, diversidade viral; e) Origem da vida: mundo dos vírus, primeiros sistemas replicativos e origem das células. Todo esse material deu origem a três capítulos no livro *Ensino de Biologia: uma perspectiva evolutiva* (2021), disponível gratuitamente para uso didático no site www.pensamentoevolutivo.com. O presente trabalho demonstra a possibilidade de relacionar a microbiologia com diversos conteúdos a partir de uma perspectiva ecológico-evolutiva com a finalidade de reduzir a atual visão pessimista sobre os micróbios.

Palavras-chave: Evolução, Ecologia, Ensino de microbiologia, Material Didático

Realização



Patrocínio



Apoio

