



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



Anais do II Simpósio Nacional de Microbiologia Veterinária

Porto Alegre, 23 e 24 de fevereiro de 2024

ORGANIZAÇÃO

Associação de Turma de Medicina Veterinária UFRGS 2024/1

Laboratório de Bacteriologia Veterinária – LaBacVet da UFRGS

UFRGS

Porto Alegre

2024



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



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

Livro digital
Formato: PDF

ISBN 978-65-5973-357-6

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

CDD 636.089601



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



BACTERIOMA RESPIRATÓRIO DE LEITÕES EM FASE DE CRECHE

Luiza De Campos Menetrier¹; Karine Ludwig Takeuti², Gabriela Merker Breyer ¹, Larissa Caló Zitelli ¹, Franciele Maboni Siqueira*¹

¹Laboratório de Bacteriologia Veterinária, Departamento de Patologia Clínica Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS 91540-000

²Faculdade de Veterinária- Universidade Feevale, Campo Bom, RS

Introdução: O bacterioma corresponde a diversidade bacteriana presente na pele e mucosa de animais, sendo que a composição deste será influenciada por diversos fatores, como ambiente, alimentação e contato com patógenos. Estudos indicam que a composição da microbiota pode estar associada a ocorrência, ou não, de doenças. Isso se deve a aspectos como competição por sítios de ligação, produção de bacteriocinas e estimulação do sistema imune. **Objetivo:** Desta forma, este estudo objetivou a caracterização do bacterioma respiratório de leitões, a fim de que as interações entre bactérias simbióticas, agentes oportunistas e patógenos possam ser futuramente estudados, esclarecendo o papel do bacterioma na ocorrência de doenças respiratórias. **Metodologia:** Foram coletados suabes nasais de oito leitões em fase de creche, pertencentes a mesma propriedade, mas provenientes de diferentes matrizes. Estes suabes foram processados através de kit comercial para a extração de DNA bacteriano total. Em seguida, a região V4 do DNA ribossomal 16S (rDNA) de cada amostra foi amplificada com o uso de *primers* universais. O sequenciamento de cada amplicon gerado ocorreu na plataforma Illumina MiSeq. As leituras produzidas foram filtradas por qualidade de base utilizando o software FastQC (versão 0.11.4) e a atribuição de taxonomia foi realizada com base na base de dados silva-138-99-nb-classifier.qza. **Resultados:** A composição do bacterioma respiratório foi semelhante entre os animais pesquisados, sendo que os filos mais abundantes foram *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Bacteroidota* e *Actinobacteria*,



II SIMPÓSIO NACIONAL DE
**MICROBIOLOGIA
VETERINÁRIA**



MEDICINA VETERINÁRIA



e os gêneros mais identificados foram *Actinobacillus*, *Anaerovibrio*, *Weissella*, *Lachnospiraceae* e *Dialister*. **Conclusão:** Os resultados deste estudo revelam uma uniformidade na composição do bacterioma respiratório entre leitões da mesma fase de criação e provenientes da mesma propriedade. Contudo, se faz necessária uma investigação mais abrangente, incluindo análise longitudinal do bacterioma, para a obtenção de insights mais aprofundados sobre sua composição e dinâmica ao longo do tempo.

Palavras-chaves: Composição bacteriana; suínos; microbiota; trato respiratório

Referências bibliográficas:

1. CORREA-FIZ, Florencia; FRAILE, Lorenzo; ARAGON, Virginia. Piglet nasal microbiota at weaning may influence the development of Glässer's disease during the rearing period. *Bmc Genomics*, [S.L.], v. 17, n. 1, 26 maio 2016. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1186/s12864-016-2700-8>.
2. NIEDERWERDER, Megan C.. Role of the microbiome in swine respiratory disease. *Veterinary Microbiology*, [S.L.], v. 209, p. 97-106, set. 2017. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.02.017>.

Área de avaliação: Microbiologia