



XI SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA APLICADA

Tema: Interação Parasito-Hospedeiro

Anais

Porto Alegre, 21 a 23 de novembro de 2018

Editado por

**Gertrudes Corção
Patricia Valente da Silva**

**Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Sala II do Salão de Atos da UFRGS
Porto Alegre, 21 a 23 de novembro de 2018**

Anais

XI Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada

21 a 23 de novembro de 2018, Porto Alegre, Brasil

ISSN 2237-1672

**Porto Alegre, Brasil
Universidade Federal do Rio Grande do Sul
2018**

Comissão Organizadora

Docente

Dra. Gertrudes Corção - presidente

Dra. Patricia Valente da Silva

Discentes

Paulo Roberto Dalcortivo

Ana Paula Klaus Damasceno

Amanda Domingues Lourenço

Daniela Comparsi Laranja

Júlia Andressa Paes dos Santos

Elisa Mendieta Coelho

Denise Leal dos Santos

Aline Reis Muller

Laura Nunes de Souza

Carolina Leal de Castilho

Diandra de Andrades

Fernanda Gazulha

Vanise de Medeiros

Programação

QUARTA FEIRA 21 DE NOVEMBRO DE 2018	QUINTA FEIRA 22 DE NOVEMBRO DE 2018
	08:00 - 12:00: MINICURSO Abordagens moleculares para análises de amostras : MALDI-TOF e Metagenômica Aplicações do sequenciamento de alto rendimento (NGS) na Microbiologia - Dra Daiana de Lima Morales e Dra Priscila Lamb Wink (LABRESIS / HCPA)
13:00 - 14:00 - Credenciamento	13:30 - 14:30 - Palestra:
14:00 -14:30 - Cerimônia de abertura	Tema: Virulência em <i>E. coli</i> extraintestinal de aves <i>Dra Fabiana Horn (UFRGS)</i>
14:30 - 15:30 - Conferência de abertura:	14:30 - 15:30 – Palestra Tema: Fitopatógenos de plantas <i>Dra Camila Cristina Lage de Andrade (Empresa Agronômica)</i>
Tema: Interação parasita - hospedeiro <i>Dra Marisa da Costa (UFRGS)</i>	15:30 - 16:00 - Coffee break
15:30 - 16:00 - Coffee break	16:00 - 17:00 – Palestra
16:00 - 17:00 - Palestra:	Tema: Mecanismos antivirais mediados pela microbiota intestinal do mosquito <i>Aedes aegypti</i>. <i>Dr Jayme Augusto de Souza-Neto (UNESP)</i>
Tema: O microbioma humano como fonte de moléculas bioativas <i>Dr Luis Caetano Martha Antunes (FIOCRUZ)</i>	17:00 - 18:30 - Sessão de pôsteres
17:00 - 18:30 - Sessão de pôsteres	

SEXTA FEIRA 23 DE NOVEMBRO DE 2018
08:00 - 12:00: MINICURSO Abordagens moleculares para análises de amostras : MALDI-TOF e Metagenômica MALDI-TOF e suas aplicações na identificação de microrganismos e análises de resistência a antimicrobianos Everton Inamine - Bioquímico da Santa Casa de Misericórdia de Porto Alegre MALDI-TOF e suas aplicações na identificação de leveduras - Dr Gildo Almeida da Silva e Dr Bruna C. Agustin EMBRAPA Vinho - Bento Gonçalves - RS
13:30 - 14:30 - Palestra:
Tema: <i>Acanthamoeba</i> como reservatório de microrganismos <i>Dra Marilise Brittes Rott (UFRGS)</i>
14:30 - 15:30 - Palestra:
Tema: Bactérias associadas a esponjas: Quem são? O que fazem? Como aproveitá-las ? <i>Dra Marinella Silva Laport (UFRJ)</i>
15:30 - 16:00 - Coffee break
16:00 - 17:00 - Palestra:
Tema: Interação rizóbios e plantas: da ineficiência à promoção de crescimento <i>Dr Enilson Saccol de Sá (UFRGS)</i>
17:00 - 17:30 Entrega do prêmio Prof Jardim Freire e premiação dos melhores pôsteres.
17:30 – 18:30 - Encerramento

SUMÁRIO

Apresentação

12

Microbiologia Agrícola

AVALIAÇÃO DE POTENCIAL PROBIÓTICO DE *Enterococcus faecium* M7AN10 ISOLADO DE LEITE BUBALINO. *Jéssica Pires Kurtz, Márcia Monks Jantzen, Amanda de Souza da Motta* AG001

DETECÇÃO DE RESÍDUOS DE ANTIMICROBIANOS NA CARNE *IN NATURA* DE SUÍNOS ATRAVÉS DO MÉTODO DE CROMATOGRAFIA LIQUIDA ACOPLADA A ESPECTROMETRIA DE MASSAS. *Silvia Adriana Mayer Lentz, Juliana Moraes da Silva Heck, Rafaela Ramalho Guerra, Paula Marques Rivas, Evandro da Silva Costa, Tamara dos Santos Castilhos, Louise Jank, Andreza Francisco Martins* AG002

CARACTERIZAÇÃO E DISCRIMINAÇÃO INTRAESPECÍFICA DE *Saccharomyces cerevisiae* DA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DE INTERESSE AGROINDUSTRIAL (CMIA) DA EMBRAPA UVA E VINHO. *Gabriele Jardim Gross Teixeira, Gildo Almeida da Silva, Patricia Valente da Silva, Bruna Carla Agustini* AG003

ATIVIDADE ANTIBACTERIANA DE ÓLEO ESSENCIAL DE GERANIOL ENCAPSULADOS EM POLICAPROLACTONA (PCL) E NANOPARTÍCULAS DE ÓXIDO DE ZINCO PARA CONTROLE DE *Salmonella Enteritidis*, *S. Heidelberg* E *Listeria monocytogenes*. *Raquel Zeni Ternus, Marília Gabriela Klauck, Micheli Zanetti, Márcio Antônio Fiori, Eduardo Cesar Tondo* AG004

CONTROLE *IN VITRO* DE *Colletotrichum* SPP ASSOCIADOS COM A ANTRACNOSE EM OLIVEIRA POR *Bacillus* SP. *Andreza Becker de Borba, Ana Paula Kersck Souza, Geísa Finger, Andréia Mara Rotta de Oliveira, Edson Bertolini* AG005

PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO DE GRAMÍNEAS (*Avena strigosa* Schreb), (*Avena sativa* L.) E (*Lolium multiflorum*) POR ESTIRPES DE *Bradyrhizobium*. *Carolina Leal Castilho, Adriana Ambrosini, Luciane Passaglia, Anelise Beneduzi, Enilson Saccol de Sá* AG006

ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DE BLEND DE ÁCIDOS ORGÂNICOS CONTRA LISTERIA MONOCYTOGENES EM SALSICHA. *Liziane Schittler, Mirian Cristina Enderle, Aniela Pinto Kempka* AG007

CONTROLE DE LISTERIA MONOCYTOGENES POR NISINA EM PRESUNTO FATIADO. *Daniela Laranja, Patricia da Silva Malheiros, Eduardo Cesar Tondo* AG008

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS LÁCTICAS EM LEITE BUBALINO DO RIO GRANDE DO SUL. *Gabriela Merker Breyer* AG009

DETECÇÃO DE GENES DE ENTEROTOXINAS EM *Staphylococcus aureus* ISOLADOS DE LEITE CRU DE BÚFALA. *Fernanda Marques de Souza Godinho, Fernanda Marques de Souza Godinho, Melina Krug, Renata Perin Figueiredo, Ana Paula Guedes Frazzon, Amanda de Souza da Motta* AG010

ATIVIDADE BIOLÓGICA DE COMPOSTOS BIOATIVOS PROVENIENTES DE CULTIVO DE *Chryseobacterium* sp. kr6 COENCAPSULADOS EM LIPOSSOMAS DE FOSFATIDILCOLINA. AG011
Diego Bertolini, Ana Paula Folmer Corrêa, Adriano Brandelli

Microbiologia Ambiental

ANÁLISE TAXONÔMICA DE ISOLADOS DE *Streptomyces* sp. *Marcela Proença Borba, Sueli Van Der Sand* AM001

AVALIAÇÃO ANTRÓPICA POR BIOINDICADOR BACTERIOLÓGICO NO CURSO HÍDRICO DO RIO CATURETÊ, MUNICÍPIO DE SARANDI, RS. *Tatiana Moraes da Silva Heck, Rute Gabriele Fiscoeder Ritzel, Fabiano Costa de Oliveira, Brenda Katelyn Viegas da Rosa, Rodrigo Staggemeier, Sabrina Esteves de Matos Almeida* AM002

DIVERSIDADE BACTERIANA PRESENTE EM AMOSTRAS DE CLOACA DE PINGUINS-DE-MAGALHÃES (*Spheniscus magellanicus*) JOVENS. *Cláudio Marcos Lauer Júnior Lauer, Pabulo H Rampelotto, Michele Bertoni Mann, Derek Blaese de Amarin, Maurício Tavares, Jeverson Frazzon, Ana Paula Guedes Frazzon* AM003

EFEITO ANTIMICROBIANO DE EXTRATOS VEGETAIS SOB UMA COMUNIDADE MICROBIANA DETERIOGÊNICA DE BIODIESEL. *Juciana Clarice Cazarolli, Thais Livramento Silva, Jhonata Rodrigues de Brito, Luisa Helena Cazarolli, Larissa Canhadas Bertan, Maria do Carmo Ruaro Peralba, Fátima Menezes Bento* AM004

POTENCIAL BIOPESTICIDA DO ÁCIDO ÚSNICO. *Daniela Fernandes Ramos, Priscila Cristina Bartolomeu Halicki, Rodrigo Brum, Flávio Manoel Rodrigues da Silva Jr.* AM005

PERFIL DE SUSCETIBILIDADE A ANTIMICROBIANOS E FORMAÇÃO DE BIOFILME EM BACTÉRIAS RESISTENTES A TETRACICLINA PROVENIENTES DA LAGUNA DE TRAMANDAÍ, RS. *Aline Reis Muller, Débora Ribeiro dos Santos, Gertrudes Corção* AM006

AVALIAÇÃO DA CÁPSULA POLISSACARÍDICA EM LEVEDURAS RESISTENTES A ANTIFÚNGICOS. *Carine Cristina Tavares de Souza, Danielle Machado Pagani, Audren Monteiro, Renata Ott, Iasmin Rios, Maria Lúcia Scroferneker, Patrícia Valente* AM007

CO-CULTIVO DE *Staphylococcus aureus* E *Staphylococcus epidermidis* PARA AVALIAÇÃO DE PRODUÇÃO DE ENTEROTOXINAS ESTAFILOCÓCICAS. *Alice Giugno Gomes, Gertrudes Corção, Marisa da Costa* AM008

DETECÇÃO DO MASTADENOVÍRUS HUMANOS NAS ÁGUAS DO RIO CATURETÊ, SARANDI, RIO GRANDE DO SUL. *Rute Gabriele Fiscoeder Ritzel, Tatiana Moraes da Silva Heck, Brenda Katelyn Viegas da Rosa, Fabiano Costa de Oliveira, Rodrigo Staggemeier, Sabrina Esteves de Matos Almeida* AM009

MONITORAMENTO DA CONTAMINAÇÃO POR *Listeria monocytogenes* DE QUEIJOS E FIAMBRES EM LABORATÓRIO DE FIAMBREIRIAS DE SUPERMERCADOS LOCALIZADOS NO MUNICÍPIO DE PORTO ALEGRE/RS. *Aline Veiga Santos, Amanda Brito de Freitas, Juliana Querino Goulart, Paula Marques Rivas* AM010

SOBREVIVÊNCIA DE *Escherichia coli* EM CARNE BOVINA TRATADA TERMICAMENTE EM SISTEMA SOUS VIDE. *Larissa Pires Ferigolo, Susana de Oliveira Elias, Mercedes Passos Geimba, Eduardo Cesar Tondo* AM011

ENSAIO DE SENSIBILIDADE PARA AMPLIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A B-LACTÂMICOS EM DNA DE ISOLADOS BACTERIANOS E DE AMOSTRAS AMBIENTAIS. <i>Laura Nunes de Souza, Gertrudes Corção</i>	AM012
ESTABELECIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE UMA COLEÇÃO DE CEPAS DE <i>Escherichia coli</i> CAUSADORAS DE MENINGITE NEONATAL BRASILEIRA. <i>Simone Iahnig Jacques, Tobias Weber Martins, Marisa Cardoso, Luis Fernando dos Santos, Fabiana Horn</i>	AM013
BIODEGRADAÇÃO DE ATRAZINA ESTIMULADA POR <i>Saccharomyces cerevisiae</i> E PALHA DE MILHO. <i>Nathalia Marcon Toller, Elisete Guimarães, Claudia Eugênia Castro Bravo</i>	AM014
CLASSIFICAÇÃO TAXONÔMICA DE ISOLADOS DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS. <i>Heloísa Giacomelli Ribeiro, Sueli Teresinha Van der Sand</i>	AM015
ESTUDOS DOS <i>Enterococcus</i> sp. ISOLADOS DE FEZES DE GRAXAIM-DO-CAMPO (<i>Lycalopex gymnocercus</i> G. Fisher 1814). <i>Gabriella Oliveira de Araujo, Luana Oliveira Godoy da Silva, Rebeca Inhoque Pereira, Felipe Bortolotto Peters, Ana Paula Guedes Frazzon</i>	AM016
ESTRATÉGIAS DE BIORREMEDIAÇÃO IN SITU PARA A REDUÇÃO DE HIDROCARBONETOS POLICÍCLICOS AROMÁTICOS PRIORITÁRIOS EM FAZENDA DE LODO ATIVADO: UMA ABORDAGEM COMPARATIVA ENTRE OS MÉTODOS DE BIOAUMENTAÇÃO E BIOESTIMULAÇÃO. <i>Caroline Macedo Carvalho, Guilherme Pinto Cauduro, Lívia Anzilago Celada, Marcela Marmitt de Souza, Ana Lusía Leal, Gabriela Kern, Victor Hugo Valiati</i>	AM017
PURIFICAÇÃO PARCIAL E CARACTERIZAÇÃO DE UMA SUBSTÂNCIA ANTIMICROBIANA PRODUZIDA POR <i>Bacillus</i> sp. SED 2.2 ISOLADO DE ÁREAS ÚMIDAS NA REGIÃO SUL DO BRASIL. <i>Priscila Ribeiro Jankoski, Ana Paula Folmer Correa, Adriano Brandelli, Amanda de Souza da Motta</i>	AM018
METAGENOMIC PROFILE RECOVERED FROM <i>Culex coronator</i> AND <i>Aedes crinifer</i> IN BRAZILIAN PAMPA. <i>Flávia Montagner</i>	AM019

Microbiologia Clínica

USO DE LARVAS DE <i>Galleria mellonella</i> COMO MODELO DE INFECÇÃO PARA <i>Staphylococcus aureus</i> MULTIRRESISTENTE. <i>HELBER BARBOZA PINTO, DANIELLE DA SILVA TRENTIN</i>	CL001
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE <i>Escherichia coli</i> CAUSADORA DE PIELONEFRITE EM ONÇA PINTADA (<i>Panthera onca</i>). <i>Rafaella Dalla Vecchia Sala, Júlia Gabriela Wronski, Fernando Froner Argenta, Jacqueline Raiter, Luiza Presser Ehlers, Saulo Petinatti Pavarini, Franciele Maboni Siqueira</i>	CL002
ACHADOS BACTERIOLÓGICOS EM INFECÇÕES DO TRATO URINÁRIO INFERIOR DE CANINOS DOMÉSTICOS PORTADORES DA SÍNDROME DE CUSHING. <i>Camila Imperico Riboldi, Letícia Machado, Milena Cleff de Oliveira, Luana Rodrigues, Álan Gomes Pöppel, Franciele Maboni Siqueira</i>	CL003
AÇÃO FUNGICIDA DE DERIVADOS QUINOLÍNICOS SOBRE CEPAS DERMATOFÍTICAS DE RELEVÂNCIA CLÍNICA. <i>Gabriella da Rosa Monte Machado, Bruna Pippi, Natália da Silva Rodrigues Coutinho Monteiro, Denise Diedrich, Thaís Ruaro, Simone Gnatto, Aline Zimmer, Saulo Fernandes de Andrade, Alexandre Fuentesfria</i>	CL004

Brevundimonas vesicularis EM PLACENTOMAS DE ABORTO E EM SÊMEN DE OVINOS. <i>Adan Peres Cabreira, Franciele Maboni Siqueira</i>	CL005
3-SELENOCIANATOS-INDÓLICOS COMO NOVAS OPÇÕES TERAPÊUTICAS PARA O TRATAMENTO DE MICOSES SUPERFICIAIS. <i>Priscilla Maciel Quatrin, Gustavo Pozza Silveira, Alexandre Meneghello Fuentefria</i>	CL006
DERIVADOS DE QUINOLINAS COMO UMA NOVA ALTERNATIVA AO COMBATE DE CEPAS PATOGÊNCIAS DE Candida DE DIFÍCIL TRATAMENTO. <i>Natália Monteiro da Silva Rodrigues Coutinho, Gabriella da Rosa Monte Machado, Denise Diedrich, Thaís Ruaro, Simone Gnoatto, Aline Zimmer, Saulo Fernandes de Andrade, Alexandre Meneghello Fuentefria</i>	CL007
SUSCETIBILIDADE <i>IN VITRO</i> DE Pythium insidiosum FRENTE AOS ÓLEOS DE Helianthus annuus L. OZONIZADO, Eugenia caryophyllata E SUAS COMBINAÇÕES. <i>Caroline Quintana Braga, Cristiane Telles Baptista, Júlia de Souza Silveira Valente, Carolina Litchina Brasil, Daniela Isabel Brayer Pereira</i>	CL008
PRODUÇÃO, PURIFICAÇÃO PARCIAL E ESPECTRO DE AÇÃO DE UMA SUBSTÂNCIA ANTIMICROBIANA PODUZIDA POR Bacillus SP. SED 1.4 ISOLADO DE SEDIMENTO DE AREAS ÚMIDAS. <i>Luciani Cavalini, Priscila Ribeiro Jankoski, Ana Paula Folmer Correa, Adriano Brandelli, Amanda de Souza da Motta</i>	CL009
PRINCIPAIS AGENTES INFECCIOSOS E MARCADORES SOROLÓGICOS ENVOLVIDOS NO DESCARTE DE HEMOCOMPONENTES EM UM HEMOCENTRO EM BELÉM, PARÁ. <i>João Marcos Oliveira Macêdo, Camila Fonseca Barroso, Laiane Nazaré Silva do Nascimento, Line Alves Monteiro, Letícia Caroline Cruz Paula, Renata Bezerra Hermes de Castro, Carlos Eduardo Melo Amaral</i>	CL010
PCR MULTIPLEX PARA DETERMINAÇÃO DO PERFIL DE PROTEÍNAS PHT EM ISOLADOS DE Streptococcus pneumoniae. <i>Tiago Fetzner, Juliana Comerlato, Rafael de Oliveira Schneider, Mariana Preussler Mott, Gabriela Cunha, Grasiela Agnes, Pedro Alves D'Azevedo, Cícero Armídio Gomes Dias</i>	CL011
DEVELOPMENT OF A METHOD FOR RAPID DETECTION OF Klebsiella pneumoniae CARBAPENEMASE (KPC) IN LIQUID CHROMATOGRAPHY – TANDEM MS (LC-MS/MS). <i>Otávio von Ameln Lovison, Fabiano Barreto, Marina Niada Crispim, Evelyn Kern de Almeida, Renata Batista Rau, Afonso Luis Barth, Andreza Francisco Martins</i>	CL012
ATIVIDADE ANTIFÚNGICA DE ANÁLOGOS DE ÁCIDO UNDECILÊNCO SOBRE ESPÉCIES DE Candida. <i>Nailí Moreira da Silva, Marcela Lopes, Paula Reginatto, Saulo Fernandes de Andrade, Alexandre Meneghello Fuentefria</i>	CL013
IDENTIFICAÇÃO DE Escherichia coli UROPATOGÊNICA ATÍPICA EM URINA DE CÃO COM HIPERADRENOCORTICISMO. <i>Jéssica Goulart da Rocha, Camila Imperico Riboldi, Letícia Machado, Alan Gomes Pöppel, Tatiana Vieira, Franciele Maboni Siqueira</i>	CL014
AGENTES ANTIFÚNGICOS NO TRATAMENTO <i>IN VITRO</i> DE INFECÇÕES POR BIOFILMES DE Candida SPP. EM CATETER VENOSO CENTRAL. <i>Paula Reginatto, Saulo Fernandes de Andrade, Alexandre Meneghello Fuentefria</i>	CL015
IDENTIFICAÇÃO E PERFIL DE SUSCETIBILIDADE DE COCOS GRAM-POSITIVOS EM DERMATOSCÓPIOS E ADAPTADORES PARA SMARTPHONE – RESULTADOS PRELIMINARES. <i>Roberto Carlos Freitas Bugs, Maurício de Quadros, Adriana Medianeira Rossato, Lisiane da Luz Rocha, Renata de Oliveira Soares, Pedro Alves d'Azevedo</i>	CL016

RELAÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL DE RATOS E TNF- α EM MODELO CRÔNICO DE EPILEPSIA. *Amanda Muliterno Domingues Lourenço de Lima, Edson Fernando Müller Guzzo, Gabriel de Lima Rosa, Rafael Bremm, Adriana Simon Coitinho, Sueli Teresinha Van Der Sand* CL017

Biotecnologia

ANÁLISE DE METABARCODE PARA CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE DE MEIOFAUNA NO BIOMA MATA ATLÂNTICA. *Carla Aristonara Müller, Leandro Pereira, Carina Lopes, Juvenil Cares, Luiz Borges, Adriana Giongo, Carlos Teixeira, Alessandra Morassutti* BI001

CAPACIDADE ANTIOXIDANTE DE HIDROLISADOS DE PROTEÍNA ISOLADA DE SOJA PRODUZIDOS POR CATÁLISE ENZIMÁTICA. *Andréia Monique Lermen, Naiara Jacinta Clerici, Laís Andressa Finkler, Kelly Callegaro, Daniel Joner Daroit* BI002

POTENCIAL DE RESÍDUOS AGROINDUSTRIAIS DA UVA (*Vitis vinifera* e *Vitis labrusca*) COMO FONTE DE COMPOSTOS ANTIBIOFILME. *Fernanda Cristina Possamai Rossatto, Aline Rigon Zimmer, Pedro Alves d'Azevedo, Karine Rigon Zimmer* BI003

CONVERSÃO DE GLICEROL RESIDUAL EM BIOPRODUTOS DE VALOR AGREGADO EM BIORREATOR CONTÍNUO DE LEITO FLUIDIZADO POR *Klebsiella pneumoniae* BLh-1 IMOBILIZADA EM PVA. *Ana Paula Klaus Damasceno, Marco Antônio Zachia Ayub, Milena Toillier dos Santos, Daniele Misturini Rossi* BI004

Mycoplasma hyopneumoniae INFECTION INDUCES AN ANTIOXIDANT RESPONSE AND DECREASES THE EXPRESSION OF CILIARY GENES IN SWINE CELLS. *Scheila Mucha, Mariana Ferrarini, Carol Moraga, Marie-France Sagot, Arnaldo Zaha* BI005

PRODUÇÃO DE LIPÍDEOS POR LEVEDURAS DO GÊNERO *Saccharomyces* spp. *Hélen Caroline Zonta Abilhôa, Claudia Eugênia Castro Bravo, Ivane Benedetti Tonial* BI006

PRODUÇÃO DE AMILASES PELO FUNGO *Aspergillus* sp. M2.3. *Gessica Oliveira Marinho, Izabela Nascimento Silva, Vivian Machado Benassi* BI007

POTENCIAL DE APLICAÇÃO DA LEVEDURA *Spathaspora hagerdaliae* NA PRODUÇÃO DE ETANOL DE SEGUNDA GERAÇÃO. *Paulo Roberto Dall cortivo, Lilian Raquel Hickert, Carlos Augusto Rosa, Marco Antonio Ayub* BI008

SELEÇÃO DE LINHAGENS INDUSTRIAIS RECOMBINANTES DE *Saccharomyces cerevisiae* METABOLIZADORAS DE XILOSE PARA CONVERSAO DESTA AÇUCAR A ETANOL DE SEGUNDA GERAÇÃO. *Fernanda Gazulha, Lilian Raquel Hickert, Marco Antônio Zacchia Ayub* BI009

BIOATIVIDADES DE HIDROLISADOS DE FARINHA DE PENAS PRODUZIDOS POR *Bacillus* sp. CL33A. *Bernardete da Silva Bernardo, Bernardete da Silva Bernardo, Kelly Callegaro, Rodrigo Ferraz Ramos, Daniel Joner Daroit* BI010

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE NANOCÁPSULAS POLIMÉRICAS CONTENDO O PEPTÍDEO ANTIMICROBIANO P34. *Henrique Ataide Isaia, Cristian Mauricio Barreto Pinilla, Adriano Brandelli* BI011

BIOTRANSFORMATION OF TURPENTINE OIL BY *Saccharomyces cerevisiae*. *Júlia Wieczorek, Camila de Oliveira Junkes, Arthur Germano Fett-Neto* BI012

Parasitologia

TENÍASE: UM RELATO DE CASO NO MUNICÍPIO DE NOVO HAMBURGO – RS. *Fabiana Tais* PA001
de Souza Hack, Gabriela Schiling Alves, Fairus Narsalla, Simone Ulrich Picoli

AÇÃO DE EXTRATOS FÚNGICOS SOBRE OVOS E LARVAS DE TRICOSTRONGILÍDEOS DE PEQUENOS RUMINANTES. *Cristiane Telles Baptista, Caroline Quintana Braga, Júlia Silveira, Carolina Litchina Brasil, Fábio Raphael Pascoti Bruhn, Daniela Isabel Brayer Pereira* PA002

Amoebicidal activity of Imidazolium salts. *Laura Fuhrich Fabres, Fabiany da Costa Gonçalves, Eliane Oliveira Salines, Henri Schrekker, Marilise Rott* PA003

Apresentação

Nos dias 21, 22 e 23 de novembro de 2018, na Sala II do Salão de Atos da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), ocorreu a décima primeira edição do evento Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada (XI SBMA), tradicionalmente oferecido pelo Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente (PPGMAA), da UFRGS. A organização do evento foi coordenada pela professora Dr^a Gertrudes Corção, com a Comissão Organizadora composta por docentes e alunos do PPGMAA. 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 e Parasitologia.

O XI SBMA teve 126 inscritos e foram publicados 62 resumos nos Anais do evento, sendo 11 na modalidade Agrária, 19 na Ambiental, 17 na Clínica, 12 em Biotecnologia e três em Parasitologia. 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. Gertrudes Corção



Modalidade Agrária

AVALIAÇÃO DE POTENCIAL PROBIÓTICO DE *ENTEROCOCCUS FAECIUM* M7AN10 ISOLADO DE LEITE BUBALINO

Jéssica Nastácia Pires Kurtz¹, Márcia Monks Jantzen¹, Amanda de Souza da Motta¹

jessicakurtz@bol.com.br

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O leite bubalino é uma matriz alimentar com teor nutricional mais elevado do que o leite bovino. Entretanto, seu potencial tecnológico permanece pouco explorado e menos ainda se conhece a respeito da sua microbiota ácido láctica. As culturas autóctones, compostas pelas bactérias ácido lácticas, contribuem positivamente para o desenvolvimento de alimentos com propriedades desejadas. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial probiótico de uma bactéria ácido láctica (M7AN10) isolada de leite bubalino, para posterior aplicação em derivados lácteos. Este isolado foi previamente obtido de leite de búfala cru resfriado e foi mantido preservado em leite desnatado a -20°C. A confirmação da identificação foi realizada através do sequenciamento do gene 16S rRNA. A bactéria ácido láctica foi submetida a testes de tolerância ao resfriamento, congelamento, liofilização, sais biliares, trato gastrointestinal simulado e fluído intestinal simulado. Para todos os ensaios realizados, foi utilizada como controle a cultura probiótica comercial de *Lactobacillus rhamnosus* (Fagron®). Para os ensaios padronizou-se o inóculo inicial das culturas em aproximadamente 8,00 Log UFC mL⁻¹ antes de cada teste. A análise de sequenciamento do gene 16S rRNA identificou a bactéria ácido láctica como *E. faecium*. Os resultados das contagens após os testes de tolerância às condições adversas foram obtidos em Log₁₀ UFC mL⁻¹ e estão representados como média ± desvio padrão. Após 30 dias de resfriamento em temperatura média de 6,6°C, *E. faecium* M7AN10 permaneceu com 8,46 ± 0,09 Log₁₀ UFC mL⁻¹. Esta bactéria ácido láctica manteve sua viabilidade após 90 dias de congelamento e 180 de liofilização, apresentando 8,16 ± 0,05 e 8,45 ± 0,01 Log₁₀ UFC mL⁻¹, respectivamente. Em contato com sais biliares a uma concentração de 0,3%, durante 4 horas, os resultados apresentaram-se como 6,98 ± 0,06 Log₁₀ UFC mL⁻¹. Depois de ser exposto ao trato gastrointestinal simulado e fluído intestinal simulado, por períodos de 180 e 240 minutos, respectivamente, *E. faecium* M7AN10 apresentou contagens de 7,19 ± 0,59 e 8,28 ± 0,04 Log₁₀ UFC mL⁻¹. Os resultados obtidos no presente estudo, demonstram que *E. faecium* M7AN10 apresenta potencial para ser utilizado como cultura probiótica, visto que manteve sua viabilidade após os tratamentos empregados. A aplicação deste isolado em uma matriz alimentar será realizada buscando-se avaliar seu desempenho *in situ*.

Palavras-chave: *Enterococcus faecium*, leite de búfala, potencial probiótico

Agência de fomento: CAPES

DETECÇÃO DE RESÍDUOS DE ANTIMICROBIANOS NA CARNE IN NATURA DE SUÍNOS ATRAVÉS DO MÉTODO DE CROMATOGRAFIA LIQUIDA ACOPLADA A ESPECTROMETRIA DE MASSAS

Silvia Adriana Mayer Lentz¹; Juliana Moraes Da Silva Heck¹; Rafaela Ramalho Guerra¹; Paula Marques Rivas²; Evandro da Silva Costa³; Tamara dos Santos Castilhos⁴; Louise Jank⁴; Andreza Francisco Martins¹

(silvia82drica@gmail.com)

1 - ICBS – Inst. de Ciências Básicas da Saúde, UFRGS - Univ. Federal do Rio Grande do Sul, Sarmento Leite 500, Porto Alegre, RS, Brasil.

2 – CGVS – Coordenadoria Geral de Vigilância em Saúde - Prefeitura Municipal de Porto Alegre - Equipe de Vigilância de Alimentos – Av. Padre Cacique, nº 372, Porto Alegre – RS, Brasil

3 – ULBRA - Universidade Luterana do Brasil – Faculdade de Agronomia, Av. Farroupilha, 8001 - São José, Canoas

4 – LANAGRO – Laboratório Nacional Agropecuário/RS – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - Estrada da Ponta Grossa, 3036, Porto Alegre – RS, Brasil

A suinocultura industrial tem um papel de grande importância na economia brasileira, tendo sido o Brasil considerado o 4º maior produtor e exportador mundial de carne suína em 2017. Com o objetivo de controlar infecções bacterianas e melhorar o status sanitário dos plantéis, a indústria utiliza sistematicamente antimicrobianos durante todo o ciclo de produção. Entretanto, essa utilização expõe a microbiota dos animais a concentrações sub-inibitórias de antimicrobianos e sob essa pressão seletiva, cepas resistentes podem multiplicar-se e expandir-se em detrimento de outras. Atualmente, o Brasil conta com o Plano Nacional de Controle de Resíduos e Contaminantes em Produtos de Origem Animal – PNCRC/MAPA, que tem o objetivo de promover a segurança química dos alimentos de origem animal. Esse sistema de monitoramento avalia diversas drogas veterinárias, tanto as autorizadas para o uso como as proibidas. Deste modo, este estudo objetivou determinar a existência de resíduos de antimicrobianos na produção suinocultora, através das técnicas de LC-MS/MS e LC-QTOF-MS. A pesquisa foi realizada na água e na ração fornecidas aos suínos, na fase de terminação, em 46 granjas produtoras no RS, e esses resultados foram relacionados com a presença de resíduos de antimicrobianos pesquisados no músculo, pós abate dos animais. As análises foram realizadas no LANAGRO-RS, conforme a metodologia utilizada para as amostras oficiais do MAPA. O método foi aplicado à detecção de 48 antimicrobianos de diferentes classes: β -lactâmicos, quinolonas, fluorquinolonas, macrolídeos, lincosamidas, tetraciclina e sulfonamidas. Das amostras de ração analisadas, foi possível detectar tilosina (23/46); oxitetraciclina (10/46); amoxicilina(8/46); ciprofloxacino(7/46); doxiciclina(2/46); clortetraciclina(1/46). Nas análises de água, foi possível detectar norfloxacino (9/46); ciprofloxacino(6/46); doxiciclina(2/46); tetraciclina(1/46) e clortetraciclina(1/46). Nas amostras de músculos, 7/46 apresentaram resíduos de antimicrobianos: doxiciclina (4/46) norfloxacino(2/46) e oxitetraciclina(1/46). Desta forma, foi possível detectar em 4 amostras de músculos os mesmos resíduos de antimicrobianos administrados aos animais através da ração e/ou água, demonstrando a correlação entre as matrizes, evidenciando que a presença de resíduos na carne em níveis considerados adequados perante a legislação pode, ainda assim, impactar na seleção de cepas resistentes na microbiota dos humanos que as consumirem.

Palavras-chave: resíduos antimicrobianos; LC-MS/MS; suíno; resistência bacteriana;

Agência de fomento: CAPES – CNPq - FAPERGS

CARACTERIZAÇÃO E DISCRIMINAÇÃO INTRAESPECÍFICA DE *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* DA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DE INTERESSE AGROINDUSTRIAL (CMIA) DA EMBRAPA UVA E VINHO.

Gabriele Jardim Gross Teixeira¹, Bruna Carla Agustini², Patrícia Valente da Silva¹, Gildo Almeida da Silva^{2*}

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente - UFRGS

2 – Embrapa Uva e Vinho

*gildo.almeida@embrapa.br

As leveduras desempenham uma função primordial na elaboração de vinhos. Atuando como agentes transformantes do açúcar em álcool, por meio da fermentação alcoólica. Na fermentação há formação de produtos secundários, dentre eles, glicerol, álcoois superiores e ésteres. Contudo, as concentrações desses compostos são variáveis de acordo com a linhagem, desta forma, atribuem particularidades ao vinho. Foram selecionadas 9 linhagens de *Saccharomyces cerevisiae*, cujos códigos são: 91B84, 1VVT97, 02MB12, 38APB12, 50MBTF14, 29MSCL15, 45VSFCS10, 3MCBSf17 e 37GTEpUf17, isoladas de diferentes regiões vinícolas do Brasil, mantidas na Coleção de Microrganismos de Interesse Agroindustrial da Embrapa Uva e Vinho (CMIA). As linhagens foram caracterizadas quanto a habilidade fermentativa e produção de sulfeto de hidrogênio (H₂S). A discriminação foi realizada através do marcador molecular *Random Amplification of Polymorphic DNA (RAPD)*, com três *primers*. As reações foram compostas por 25µL. *Primer* M13: 2U Taq, 1x buffer Taq, 2 mM MgCl₂, 2µM *primer*, 200 µM de dNTP e 1µL de DNA. *Primers* (GTG)₅ e (GAC)₅: 1,5U Taq, 1x buffer Taq, 1,5 mM MgCl₂, 1µM *primer*, 200 µM de dNTP e 1µL de DNA. As condições de amplificação foram *primer* M13: um ciclo de desnaturação de 95°C por 5 minutos, em seguida de 35 ciclos de: 9°C por 30 segundos; 35°C por 1 minuto; 72 °C por 1 minuto e um ciclo final de 72 °C por 10 minutos; para os *primers* (GTG)₅ e (GAC)₅: 94°C por 5 minutos; 40 ciclos de: 94°C por 15 segundos; 35°C por 45 segundos; 72°C por 1 minuto e 3 segundos e um ciclo final de 72°C por 4 minutos. Todas as linhagens apresentaram potencial fermentativo adequado. A linhagem que apresentou melhor habilidade em fermentar durante o experimento foi a 1VVT97, com 0,710 g.h⁻¹ de desprendimento de CO₂. Em seguida a 3MCBSf17, 37GTEpUf17 com 0,690 g.h⁻¹. A linhagem 91B84, ao final das 96h desprendeu 0,390 g.h⁻¹ de CO₂, apesar de ter apresentado a menor habilidade fermentativa se comparada as linhagens selecionadas ainda assim tem expressivo potencial fermentativo. Nenhuma das linhagens apresentou produção de H₂S. A partir de uma matriz binária de similaridade de bandas foi possível observar a diferenciação das linhagens apenas por meio do *primer* (GTG)₅ em 3 perfis. Num grupo estão as linhagens 45VSFCS10, 3MCBSf17, 37GTEpUf17 e 91B84. Um outro é formado pelas linhagens 38APB12 e 50MBTF14. As linhagens 1VVT97, 02MB12 e 29 MSCL15 possuem outro perfil. Desta forma, a técnica de RAPD com *primer* (GTG)₅, demonstrou-se capaz de discriminar linhagens de *Saccharomyces cerevisiae*.

Palavras-chave: leveduras; *Saccharomyces cerevisiae*; fermentação alcoólica; RAPD

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

ATIVIDADE ANTIBACTERIANA DE ÓLEO ESSENCIAL DE GERANIOL ENCAPSULADOS EM POLICAPROLACTONA (PCL) E NANOPARTÍCULAS DE ÓXIDO DE ZINCO PARA CONTROLE DE *Salmonella* Enteritidis, *S. Heidelberg* E *Listeria monocytogenes*

Raquel Zeni Ternus¹, Marília Gabriela Klauck², Micheli Zanetti², Márcio Antônio Fiori³, Eduardo Cesar Tondo¹

(razet@unochapeco.edu.br)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS. Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente

2 – Universidade Comunitária da Região de Chapecó – Unochapecó. Área das Ciências Exatas e Ambientais

3 – Universidade Comunitária da Região de Chapecó – Unochapecó. Programa de Pós-Graduação em Tecnologia e Gestão da Inovação

Infecções bacterianas associadas a ingestão de alimentos contaminados, constituem um problema de saúde pública. A utilização de óleos essenciais e micro e nanoestruturas tem despertado interesse de pesquisadores e indústrias para uso e desenvolvimento de materiais que apresentam atividade antimicrobiana. O zinco, por apresentar propriedade antibacteriana, baixíssima toxicidade às células humanas e por ser um material biocompatível, possui um grande potencial para aplicação como substituintes aos tradicionais conservantes utilizados pela indústria de alimentos. Outra alternativa são os óleos essenciais, como por exemplo o geraniol, que têm efeito antimicrobiano contra vários micro-organismos patogênicos. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a atividade antibacteriana de microcápsulas de geraniol revestidas em PCL (geraniol-PCL) e de nanopartículas de óxido de zinco frente a *Salmonella* ser. Enteritidis, *Salmonella* ser. Heidelberg e *Listeria monocytogenes*. As micro e nanocápsulas foram obtidas em um meio reacional, em solução, com condições físicas e químicas controladas. A atividade antibacteriana das microcápsulas de geraniol-PCL e das nanopartículas de óxido de zinco foi avaliada utilizando o teste de difusão em meio sólido e concentração inibitória mínima (CIM), para suspensões bacterianas de 10^5 UFC.mL⁻¹. Todos os testes foram realizado em triplicata, para cada micro-organismo. Para as microcápsulas de geraniol-PCL, o diâmetro médio do halo de inibição foi de $15,7 \pm 1,2$ mm para *L. monocytogenes*. Frente a *Salmonella* Heidelberg, *Salmonella* Enteritidis, as microcápsulas de geraniol-PCL não apresentaram efeito bacteriano. Para as nanopartículas de óxido de zinco, o diâmetro médio do halo de inibição foi de $14,3 \pm 1,5$ mm, $11,7 \pm 1,1$ mm e $11,7 \pm 1,5$ mm para *L. monocytogenes*, *Salmonella* Heidelberg e *Salmonella* Enteritidis, respectivamente. A concentração inibitória mínima das microcápsulas de geraniol-PCL e das nanopartículas de óxido de zinco foram estabelecidas como entre $1250 \mu\text{g.mL}^{-1}$ e $5000 \mu\text{g.mL}^{-1}$ para *L. monocytogenes* e como entre $5000 \mu\text{g.mL}^{-1}$ e $10000 \mu\text{g.mL}^{-1}$ para *Salmonella* Heidelberg e *Salmonella* Enteritidis. A microcápsula de geraniol revestida em PCL e nanopartículas de óxido de zinco mostraram melhor atividade antibacteriana para *Listeria monocytogenes* e potencial de aplicação como aditivo para embalagem alimentares poliméricas.

Palavras-chave: microcápsula de geraniol, PCL, nanopartículas de óxido de zinco, atividade antimicrobiana, embalagem ativa.

Agência de fomento: Universidade Comunitária da Região de Chapecó - Unochapecó.

CONTROLE IN VITRO DE *COLLETOTRICHUM* SPP. ASSOCIADOS COM A ANTRACNOSE EM OLIVEIRA POR *BACILLUS* SP.

ANDREZA BECKER DE BORBA¹, ANA PAULA KERSCK¹, GEISA FINGER², EDSON BERTOLINI²,
ANDRÉIA MARA ROTTA DE OLIVEIRA¹.

andrezabecker.b@gmail.com

1 – Secretaria da Agricultura Pecuária e Irrigação – SEAPI/DDPA-RS.

2 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS/PPG-Fitotecnia.

O cultivo de oliveira (*Olea europaea*) no Rio Grande do Sul tem grande potencial produtivo, pois o clima e o solo são favoráveis para esta cultura. O Brasil é o 4º maior importador de azeite e o 5º de azeitonas. A antracnose é uma das principais doenças dessa cultura e compromete tanto a produção de azeitonas, como também afetam a qualidade do azeite. Produtos químicos para o controle da doença em oliveira, além de estarem em fase de registro no Brasil, trazem o risco do efeito residual nos frutos e impactam de forma negativa o ambiente. Cinco espécies de *Colletotrichum* já foram identificadas e relacionadas à antracnose em oliveira, em países produtores de oliveira da Europa. No Brasil, foi registrada a presença de *C. gloeosporioides*, *C. acutatum* e *Colletotrichum sp.* Assim, o objetivo deste estudo é avaliar o efeito antagonista de linhagens de *Bacillus sp.* para o controle de espécies de *Colletotrichum* associados à antracnose em oliveira. Foram avaliados 36 isolados de *Bacillus sp.* no controle do crescimento micelial de dois isolados de *C. gloeosporioides*, dois de *C. acutatum* e dois de *Colletotrichum sp.*, pertencentes à coleção do Laboratório de Fitopatologia do Departamento de Diagnóstico e Pesquisa Agropecuária. Os testes de antagonismo foram realizados pelo método de pareamento de cultura, em placa de petri contendo meio TSA, no qual tanto as bactérias quanto os fungos se desenvolveram de forma satisfatória. Para isso, foram depositados no centro da placa de petri, um disco (5 mm de diâmetro) de micélio do patógeno de fungo e dois isolados de *Bacillus sp.* Cada isolado bacteriano foi depositado em uma das extremidades da placa, a 1,5 cm de distância da colônia do fitopatógeno. Nas placas de controle foram depositados apenas isolados de *Colletotrichum sp.* As placas foram incubadas em temperatura controlada de 28 °C e fotoperíodo de 24h luz, por 7 dias. Após esse período foi avaliado o efeito antagonista das bactérias sobre a inibição do crescimento de fitopatógenos. Entre os *Bacillus sp.* analisados, 91 % inibiram o crescimento de todos os isolados de *Colletotrichum* utilizados neste estudo. A pesquisa está em andamento e novos testes serão realizados para a avaliação do desempenho individual dos isolados de *Bacillus sp.* Também será determinada a espécie dos isolados de *Bacillus* que mais se destacarem nos testes de efeito individual sobre as diferentes espécies de *Colletotrichum*.

Palavras-chave: Controle biológico, *Olea europaea*, antagonistas, fungos fitopatogênicos.

PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO DE GRAMÍNEAS (*Avena strigosa* Schreb), (*Avena sativa* L.) E (*Lolium multiflorum*) POR ESTIRPES DE *Bradyrhizobium*

Carolina Castilho¹, Adriana Ambrosini², Luciane Passaglia², Anelise Beneduzi³ e Enilson Saccol de Sá¹

castilholcarol@gmail.com

1 - Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) – Faculdade de Agronomia – Departamento de solos

2 - Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) – Instituto de Biociências – Departamento de genética

3 - Departamento de Diagnóstico e Pesquisa Agropecuária (DDPA), Secretaria da Agricultura, Pecuária e Irrigação/RS (SEAPI).

A soja é um dos produtos agrícolas mais cultivados no Brasil. No Rio Grande do Sul, a soja pode ser plantada em rotação de culturas utilizando cultivos de inverno como gramíneas forrageiras. Os rizóbios são bactérias conhecidas por fixarem nitrogênio atmosférico em simbiose com leguminosas. Além disso, os rizóbios também apresentam a capacidade de estabelecer interações positivas com a família das gramíneas. O objetivo do trabalho foi avaliar o potencial de estirpes do gênero *Bradyrhizobium*, simbiontes em soja, quanto à promoção de crescimento em aveia preta, aveia branca e azevém. Foram estudadas as estirpes, SEMIA 587, 5019 ambas (*B. elkanii*), 5079 (*B. japonicum*) e 5080 (*B. diazoefficiens*) quanto ao potencial de promoção de germinação de sementes das gramíneas. As sementes foram desinfestadas, pré germinadas e cultivadas em solução de Hougland + ágar 2,5 % para contagem das bactérias epifíticas e endofíticas após 7 dias de cultivo a 23 °C. Posteriormente, as colônias foram semeadas em meio contendo 300 µg.mL⁻¹ de canamicina para selecionar os *Bradyrhizobium*, pois a literatura aponta que são resistentes. O potencial de promoção de crescimento das bactérias inoculadas nas gramíneas, cultivadas em casa de vegetação por 45 dias, foi avaliado conforme a produção de massa seca das plantas, volume de raiz e absorção de nutrientes após o cultivo. As raízes foram avaliadas pelo software SAFIRA da Embrapa afim de obter o volume, comprimento e área total. As estirpes foram transformadas com gene GUS através da inserção do plasmídeo *pHRGFPGUS* e foram inoculadas nas aveias e azevém afim de avaliar a colonização das raízes. Foram submersas em solução de X-Gluc (50 µg.mL⁻¹) e analisadas em microscopia óptica. Os resultados preliminares mostram que no teste de germinação a estirpe SEMIA 587 foi capaz de acelerar a germinação para ambas aveias. As plantas inoculadas com a estirpe SEMIA 587, 5080 e 5079 apresentaram um comprimento, volume e área radiculares estatisticamente diferentes dos grupos controles no teste *Scott-knott* ($p < 0,05$). A eficácia da transformação foi testada em meio LM com ampicilina (50 µg.mL⁻¹) e ácido nalidíxico (150 µg.mL⁻¹) e adição de X-gluc (40 µg.ml⁻¹). Os resultados mostram que as bactérias estudadas promovem crescimento de aveia preta e branca, bem como são capazes de colonizar as raízes dessas gramíneas.

Projeto cadastrado no SisGen: ACFBFDB

Palavras-chave: Germinação; Volume radicular; *gfpGUS*.

Apoio: CAPES, CNPq e DDPA

ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DE *BLEND* DE ÁCIDOS ORGÂNICOS CONTRA *Listeria monocytogenes* EM SALSICHA

Liziane Schittler¹, Mirian Cristina Enderle¹, Aniela Pinto Kempka¹

(lizianeschittler@gmail.com)

1 – Universidade Do Estado de Santa Catarina (UDESC); Centro de Educação Superior do Oeste; Departamento de Engenharia Química e Engenharia de Alimentos.

A salsicha é um produto cárneo de elevado consumo, porém durante o processo de elaboração e armazenamento, torna-se susceptível a contaminação microbiana. Dentre os micro-organismos destaca-se a *Listeria monocytogenes*, que é uma bactéria que se multiplica em temperatura de refrigeração, e causa uma doença grave denominada de listeriose. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a atividade antimicrobiana do *blend* composto por ácido lático e ácido cítrico contra *L. monocytogenes* em salsicha. As salsichas foram submetidas dois tratamentos: (T1- imersão por 50 segundos em solução de 1,0 % do *blend*, com inoculação por aspersão de 3,0 log UFC.g⁻¹ de *L. monocytogenes* e embaladas vácuo; T2 - imersão por 50 segundos em solução de 1,0% do *blend*, com inoculação por aspersão de 3,0 log UFC.g⁻¹ de *L. monocytogenes* e embaladas em bandejas de poliestireno expandido (EPS) com filme plástico) e um controle (com a inoculação por aspersão de 3,0 log UFC.g⁻¹ de *L. monocytogenes*). Armazenou-se a 7 °C durante oito dias. Nos tempos zero, cinco e oito dias de armazenamento, as salsichas foram submetidas a contagem de *L. monocytogenes* em Ágar ALOA (Chromocult listeria seletivo agar). As contagens de *L. monocytogenes* foram submetidos à análise de variância (ANOVA), e as médias comparadas pelo teste de Tukey, com intervalo de confiança de 95 % (p<0,05), utilizando o Software Statistica versão 10.0. A média das contagens de *L. monocytogenes* nas salsichas variaram entre 2,8 e 4,5 log UFC.g⁻¹. O *blend* na concentração de 1 % não eliminou a *L. monocytogenes* na salsicha. Houve aumento nas contagens de *L. monocytogenes* na salsicha controle bem como na salsicha submetida ao *blend* e embalada em bandeja de EPS com filme plástico, durante o armazenamento. No entanto, quando o *blend* foi aplicado na salsicha e embalada a vácuo, houve diferença significativa (p<0,05) entre as contagens de *L. monocytogenes* e a amostra controle (sem aplicação do *blend*). O *blend*, composto por ácido lático e ácido cítrico, bem como a redução da concentração do oxigênio, pela utilização de embalagem a vácuo, contribuíram para a inibição de *L. monocytogenes* em salsicha.

Palavras-chave: embalagem, redução, micro-organismo, ácido lático, ácido cítrico

Agência de fomento: Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina (FAPESC)

CONTROLE DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* POR NISINA EM PRESUNTO FATIADO

Daniela Laranja¹, Patrícia da Silva Malheiros¹, Eduardo Cesar Tondo¹

E-mail: dani_laranja@yahoo.com.br

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

O presunto cozido é um dos embutidos cárneos mais consumidos no Brasil. Entretanto, contaminação por *Listeria monocytogenes* pode ocorrer após a cocção, sendo fundamental o controle desse micro-organismo para evitar doenças à população. O objetivo deste trabalho foi avaliar a atividade anti-*Listeria* da Nisina (Nisaplin®) aplicada no presunto cozido em duas diferentes etapas do seu processamento. No ensaio 1, o presunto foi injetado com salmoura contendo 12,5 mg de nisina por kg (dosagem aprovada no Brasil para queijos fundidos), seguido por contaminação artificial de cada fatia com um pool composto por 5 cepas de *L. monocytogenes*. Os resultados deste ensaio demonstraram que o tratamento com nisina não teve efeito significativo sobre a população de *L. monocytogenes*. No ensaio 2, a adição da nisina na mesma dosagem foi feita no tambeamento, inibindo a população de *L. monocytogenes* por 6 dias. Em vista disso, foi determinada a concentração mínima bactericida (CMB) do pool e dos isolados de *L. monocytogenes*, a fim de verificar a sensibilidade das cepas individualmente e em conjunto e o efeito da nisina sem a matriz cárnea. Pôde-se constatar que as diferentes cepas de *L. monocytogenes* demonstraram perfis de sensibilidade diferentes e que o pool foi menos sensível ao efeito da nisina. Os resultados obtidos conduziram a avaliação de dosagem maior de nisina aplicada no presunto cozido. No ensaio 3, 32 mg/kg de nisina foram adicionadas a salmoura utilizada na produção do presunto cozido e testados contra o pool de *L. monocytogenes* e a cepa ATCC 7644, separadamente. Os resultados demonstraram que a maior dosagem de nisina inibiu significativamente o crescimento tanto do pool quanto da cepa individualmente, durante 10 dias. Portanto, 32 mg/kg de nisina mostrou ser uma barreira efetiva no controle de *L. monocytogenes* em presunto cozido armazenado a 8 °C.

Palavras-chave: *Listeria monocytogenes*; presunto cozido; bacteriocinas; nisina.

Agência de fomento: CAPES.

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS LÁCTICAS EM LEITE BUBALINO DO RIO GRANDE DO SUL

Gabriela Merker Breyer¹, Nathasha Noronha Arechavaleta¹,
Amanda de Souza da Motta¹

(gabibreyer@hotmail.com)

1 – Instituto de Ciências Básicas da Saúde, ICBS - UFRGS

O leite bubalino possui elevado teor de gordura, proteínas e sais minerais quando comparado ao leite de outras espécies, sendo, portanto, vantajoso em termos nutritivos e de rendimento na produção de derivados. Apesar disso, o leite bubalino ainda é pouco explorado quanto a seu potencial probiótico. Portanto, este trabalho tem como objetivo identificar as bactérias lácticas presentes em amostras de leite de búfala cru no Rio Grande do Sul (RS), para futura prospecção de seu potencial probiótico. Para isso, os isolados analisados neste trabalho foram previamente coletados a partir de amostras de tanques de refrigeração dos três produtores do RS, totalizando 75 isolados. Os isolados foram conservados em glicerol 10 % a – 20 °C, e reativados em meio Man Rogosa e Sharpe (MRS). Posteriormente, foram caracterizados através de coloração Gram e prova de catalase, e identificados através de MALDI-TOF/MS utilizando o método de extração. Os isolados também foram avaliados quanto à atividade hemolítica e de gelatinase. No total, 62 isolados foram reativados com sucesso. Quanto ao MALDI-TOF/MS, 22 isolados (35,5 %) foram identificados com nível de confiança superior a 2.300, indicando espécie; 32 (51,6 %) com nível de confiança entre 2.000 e 2.299, indicando provável espécie; e 8 (12,9 %) com nível de confiança entre 1.700 e 1.999, indicando gênero. Foram identificadas nas amostras as seguintes espécies: *Enterococcus casseliflavus*, *E. durans*, *E. faecalis*, *E. faecium*, *Lactobacillus paracasei*, *L. rhamnosus*, *Lactococcus lactis*, *Staphylococcus capitis* e *Leuconostoc mesenteroides*. As espécies mais abundantes são do gênero *Enterococcus* (74,2 %). Nos testes fenotípicos, nenhum isolado apresentou atividade de gelatinase, porém 7 (11,3 %) apresentaram atividade α -hemolítica. Além disso, todos, à exceção de um, são Gram positivos e catalase negativos; características fenotípicas essenciais de bactérias lácticas. Tais resultados permitiram identificar parte da diversidade bacteriana de amostras de leite de búfala, demonstrando a presença de bactérias lácticas. Além disso, quatro espécies com potencial probiótico de acordo com a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) e a literatura atual foram identificadas, sendo eles *E. faecium*, *L. paracasei*, *L. rhamnosus*, *L. lactis*, e *L. mesenteroides*. Mais estudos são necessários para confirmar o potencial probiótico desses isolados e seu possível uso na indústria de alimentos.

Palavras-chave: MALDI-TOF/MS; bactérias lácticas; probióticos; leite bubalino.

DETECÇÃO DE GENES DE ENTEROTOXINAS EM *Staphylococcus aureus* ISOLADOS DE LEITE CRU DE BÚFALA

Fernanda Marques de Souza Godinho^{1,2}, Melina Krug¹, Renata Figueiredo¹, Ana Paula Guedes Frazzon¹,
Amanda de Souza da Motta¹

(fernandams@yaho.com.br)

1 - Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente (PPGMAA) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

2 - Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CDCT) do Centro Estadual de Vigilância em Saúde do Rio Grande do Sul (CEVS/SES-RS)

Atualmente, a principal causa de intoxicação alimentar está associada ao consumo de alimentos contendo enterotoxinas produzidas, principalmente, pela espécie *Staphylococcus aureus*. Vários estudos descrevem a prevalência de *S. aureus*, e suas enterotoxinas no leite bovino. Entretanto, essas informações em leite bubalino ainda são escassas. O crescente consumo de derivados de leite bubalino alerta para a questão de saúde pública, visto que essas enterotoxinas são resistentes aos processos térmicos pelos quais é submetida a sua matéria-prima. O objetivo deste estudo foi analisar a presença de genes que codificam enterotoxinas estafilocócicas em isolados de *S. aureus* obtidos de leite cru de búfala. Um total de 63 amostras de leite foram coletadas durante o período de um ano dos tanques de refrigeração dos três produtores formais do estado do RS. Todas as amostras foram analisadas utilizando-se a norma padrão ISO 6888-1. Destas, 37 (58,7 %) confirmaram a presença de *S. aureus*. Foram selecionados 112 isolados confirmados para gênero e espécie por espectrometria de massas através do MALDI-TOF. O DNA desses isolados foi extraído pelo método físico-químico. Através da técnica de PCR, foram avaliadas a presença dos genes clássicos de enterotoxinas (*sea*, *seb*, *sec*, *sed* e *see*), além do gene *coa* (enzima coagulase). As seguintes cepas de *S. aureus* foram utilizadas como controles: ATCC 13656, ATCC 14458, ATCC 19095, ATCC 23235 e ATCC 27664. Todas as amostras apresentaram a presença do gene *coa*. A presença dos genes de enterotoxinas foi detectada em 49 (43,8 %) dos isolados. O gene *sea* foi o mais frequente, presente em 44 isolados (39,3 %), seguido pelo *sed* presente em sete isolados (6,3 %). Dois isolados apresentaram ambos os genes *sea* e *sed*. Nenhum isolado apresentou os genes *seb*, *sec* e *see*. Os resultados concordam com outros estudos em relação a maior prevalência dos genes *sea*, *sec* e *sed* em amostras lácteas. Esse é o primeiro estudo que avalia o potencial do leite bubalino cru oriundo do RS como fonte de *S. aureus* produtores de enterotoxinas. Esse potencial direciona para a próxima etapa do trabalho que será avaliar a expressão gênica dessas enterotoxinas nestes isolados quando submetidos a diferentes condições de tempo e temperatura.

Palavras-chave: intoxicação alimentar, leite bubalino, *Staphylococcus aureus*, enterotoxinas, genes de virulência

Agência de fomento: CAPES

ATIVIDADES BIOLÓGICAS DE COMPOSTOS BIOATIVOS PROVENIENTES DE CULTIVO DE *Chryseobacterium* sp. kr6 COENCAPSULADOS EM LIPOSSOMAS DE FOSFATIDILCOLINA

Diego Bertolini¹, Ana Paula Folmer Corrêa¹, Adriano Brandelli¹

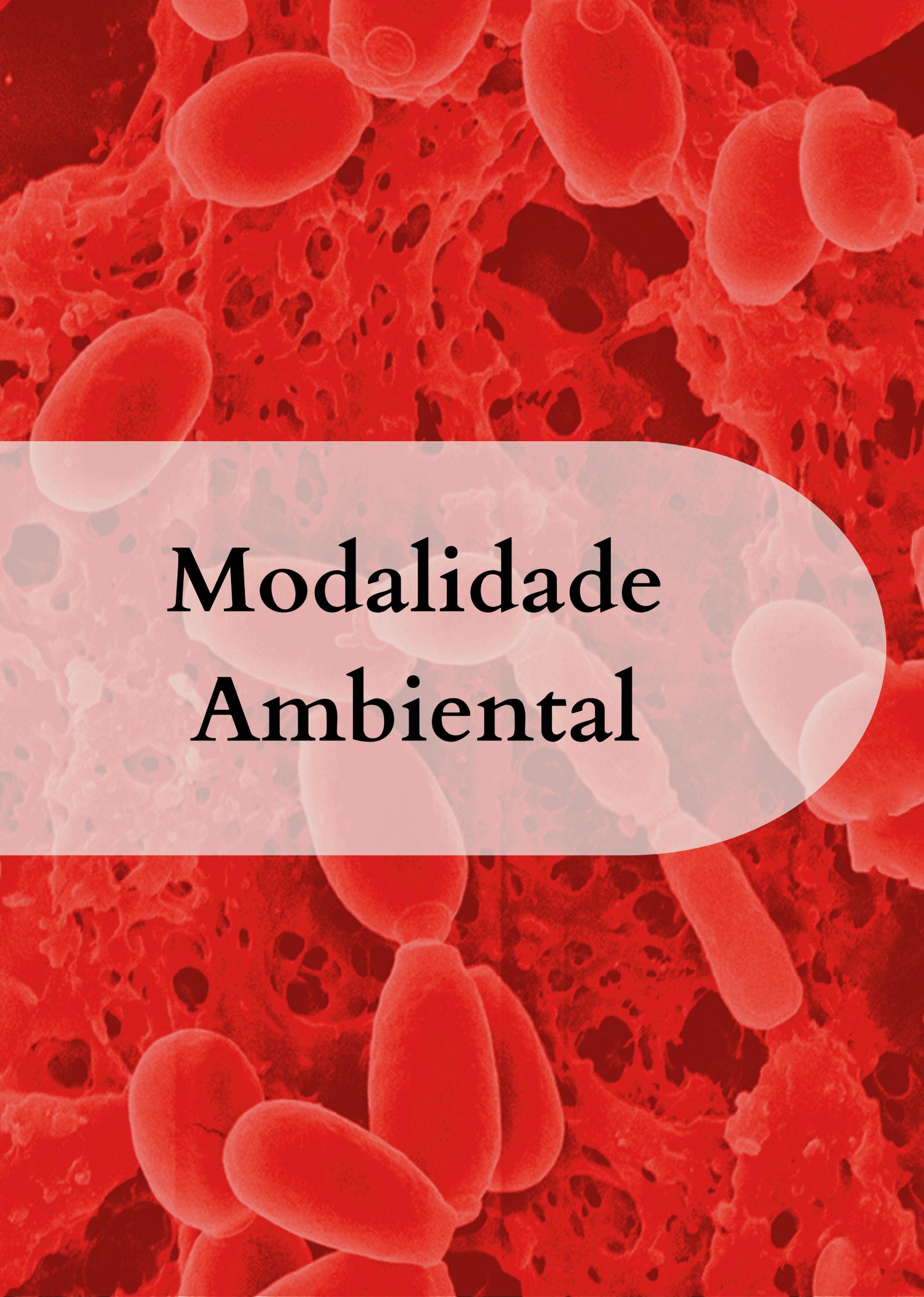
diego.bertolini1@gmail.com

1 - Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) – Instituto de Ciência e Tecnologia de Alimentos (ICTA) - Laboratório de Bioquímica e Microbiologia Aplicada.

Compostos com atividade biológica têm sido objeto de estudo de diversas pesquisas nas últimas décadas. Tais compostos podem ser obtidos das mais variadas maneiras, sendo provenientes de origem tanto animal quanto vegetal ou microbiológica. Esses compostos podem ser aplicados tanto na saúde humana quanto na indústria e na pecuária, no entanto, geralmente são sensíveis a condições ambientais adversas, sendo rapidamente degradados quando expostos a essas condições. Sendo assim, se fazem necessários meios capazes de proporcionar a essas substâncias proteção contra tais intempéries. Uma forma de fornecer essa proteção é por meio da encapsulação, ou seja, a incorporação de uma substância ativa em micro ou nanovesículas, protegendo o composto encapsulado de degradação. O objetivo desse trabalho foi utilizar uma linhagem bacteriana do gênero *Chryseobacterium* sp. para produção de compostos bioativos para, em seguida, coencapsulá-los em lipossoma a fim de observar uma possível interação entre esses compostos. Para isso, foi realizado um cultivo de *Chryseobacterium* sp. kr6 em meio mineral mínimo contendo penas de frango para a produção de peptídeos bioativos, que foram submetidos a uma etapa de purificação. Essa linhagem bacteriana também produz um pigmento com atividade biológica, que foi extraído com acetona. Os peptídeos bioativos e o pigmento foram encapsulados, isoladamente e em conjunto em lipossomas de fosfatidilcolina. Após encapsulação, as atividades antioxidante e antimicrobiana dos compostos foram avaliadas. Com as análises de atividade antioxidante pelo método de captura do radical ABTS^{•+}, observou-se que a encapsulação em lipossomas permitiu que os compostos exerçam sua atividade sem redução na mesma (respectivamente, 44,44% e 44,41% para peptídeos livres e encapsulados, 11,61% e 14,23% para pigmentos livres e encapsulados, e 42,45% e 51,57% para a mistura de peptídeos e pigmentos livres e encapsulados). Os resultados obtidos estão em concordância com trabalhos semelhantes, que relatam que a encapsulação de compostos bioativos não interfere com sua capacidade de exercer suas atividades biológicas. Existe uma aparente interferência na atividade dos compostos quando avaliados em conjunto, no entanto, o processo de encapsulação parece ter reduzido essa interferência, uma vez que a atividade antioxidante foi superior após a encapsulação da mistura dos compostos. As análises de atividade antimicrobiana estão em andamento, não havendo resultados até o momento.

Palavras-chave: peptídeos bioativos, pigmento, encapsulação, lipossomas

Agência de fomento: CAPES



Modalidade Ambiental

ANÁLISE TAXONÔMICA DE ISOLADOS DE *Streptomyces* sp.

Borba MP¹, Van Der Sand¹

svands@ufrgs.br

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

O gênero bacteriano *Streptomyces*, pertencente ao filo Actinobacteria, é conhecido pela sua capacidade de produção de compostos bioativos de grande importância para a saúde humana. Devido à riqueza de produtos naturais produzidos pelos estreptomicetos, a busca por novos isolados gerou mais de 500 espécies descritas na literatura. O grande número de isolados transformou-se num caos taxonômico e o *International Streptomyces Project* foi lançado, na década de 1960, visando estabelecer critérios para a determinação de espécie dentro do gênero. Com o advento da biologia molecular, vários estudos genéticos estão sendo utilizados para investigar a taxonomia dos estreptomicetos. Apesar do uso disseminado do 16S rRNA para identificação de isolados de bactérias diversas, as relações deste gene dentro do gênero *Streptomyces* ainda não são claras. Outros genes *housekeeping* vêm sendo utilizados na tentativa de esclarecer as relações filogenéticas do grupo, sendo eles *atpD*, *recA*, *gyrB*, *rpoB* e *trpB*. Neste trabalho, 49 isolados de *Streptomyces* oriundos do solo antártico tiveram seus genes *atpD*, *recA*, *gyrB*, *rpoB* e 16S rRNA sequenciados buscando-se entender as relações entre os isolados para esclarecer a identificação das espécies. As sequências foram alinhadas no *ClustalW*, o modelo evolutivo utilizado foi o Kimura 2P e as árvores filogenéticas foram construídas com o método *neighbour-joining* no MEGA X. Foram construídas árvores filogenéticas de cada gene e dos cinco genes concatenados. Além disso, os genes foram investigados no banco de dados Genbank. Pode-se observar que os genes individualmente não são capazes de esclarecer as relações entre os isolados, gerando árvores com pouca congruência nos grupos formados. O gene 16S rRNA não apresentou poder discriminatório para estabelecer relações claras, sendo isto alcançado somente com todos os genes analisados em conjunto. Os valores de bootstrap da árvore gerada a partir dos genes *atpD*, *recA*, *gyrB*, *rpoB* e 16S rRNA foram altos, gerando três grupos com valores acima de 95, demonstrando robustez. O uso do banco de dados Genbank, isoladamente, não é suficiente para identificação dos isolados a partir das sequências dos genes estudados. Para completar a análise dos genes *housekeeping*, segundo a técnica MLST, o gene *trpB* está sendo amplificado e novas relações filogenéticas serão estudadas, a fim de definir as espécies dos isolados.

Palavras-chave: Actinomycetes, identificação, MLST, *neighbour-joining*,

Agência de fomento: Capes

AVALIAÇÃO ANTRÓPICA POR BIOINDICADOR BACTERIOLÓGICO NO CURSO HÍDRICO DO RIO CATURETÊ, MUNICÍPIO DE SARANDI, RS

Tatiana Moraes da Silva Heck¹, Rute Gabriele Fiscoeder Ritzel¹, Fabiano Costa de Oliveira¹, Brenda Katelyn Viegas da Rosa¹, Rodrigo Staggemeier¹, Sabrina Esteves de Matos Almeida¹

(tatianaheck@terra.com.br)

1 – Universidade Feevale

Problemas ambientais têm ocorrido com mais frequência nos últimos anos, principalmente os de ação antrópica, afetando em especial a qualidade hídrica. Alguns microrganismos no ambiente podem representar um fator de risco considerável à saúde, levando a surtos de doenças, como as gastroenterites, desidratação ou infecções alimentares. O aumento da urbanização próximo aos rios é acompanhado de grande escoamento de esgoto doméstico não tratado, tornando a água um meio de veiculação de patógenos. O Rio Caturetê pertence a Bacia do Rio da Várzea e é importante para abastecimento hídrico na região sendo formado por arroios que banham a cidade de Sarandi/RS, com 20.967 habitantes segundo censo demográfico. Além de ser utilizado para dessedentação de animais e irrigação agrícola, o rio atravessa o perímetro urbano recebendo a maior parte da carga poluidora, como esgoto sanitário e efluentes industriais, atingindo os sistemas de fornecimento de água, irrigação de alimentos, além de solo. Bactérias do Grupo Coliformes Termotolerantes são exclusivas do trato gastrointestinal, demonstram contaminação fecal e são indicadores que apontam o impacto ambiental, possibilitando uma avaliação do efeito causado por poluição antrópica, importante uma avaliação neste corpo hídrico. Objetivo: Avaliar o impacto antrópico do Rio Caturetê por meio da análise de bactérias do Grupo Coliformes Termotolerantes. Foram coletados 100 ml de água em outubro de 2018 em 5 pontos diferentes e equidistantes ao longo do rio totalizando 5 amostras. O kit comercial Colilert® Quanti-Tray/2000 foi utilizado para avaliar os coliformes termotolerantes (*Escherichia coli*) o qual utiliza a enzima β -glucuronidase para metabolizar o substrato 4-metil-umbeliferil- β -D-glucoronídeo (MUG), gerando fluorescência a luz UV e quantificados por Número Mais Provável (NMP)/100 mL de água, conforme metodologia do fabricante. Foram encontradas as respectivas quantificações de *E.coli* do Ponto 1 ao 5 ao longo do rio Caturetê: 3.000, 13.200, 23.500, 145.500 e 73.300 NMP/100 mL. Foi revelado um impactado antrópico no rio, necessitando de medidas e planejamento para tratamento de seus efluentes, oriundos de áreas rurais e urbanas. Além disso, ficou demonstrada a importância do monitoramento dos rios para as políticas públicas, bem como evitar impactos na saúde da população que utiliza este recurso como principal fonte de abastecimento público na região.

Palavras-chave: Coliformes termotolerantes, recurso hídrico, qualidade ambiental.

Agência de fomento: Universidade Feevale

DIVERSIDADE BACTERIANA PRESENTE EM AMOSTRAS DE CLOACA DE PINGUINS-DE-MAGALHÃES (*Spheniscus magellanicus*) JOVENS

Cláudio Marcos Lauer Júnior¹, Pabulo H Rampelotto², Michele Bertoni Mann¹, Derek B de Amorim³, Maurício Tavares^{3,4}, Jeverson Frazzon⁵, Ana Paula Guedes Frazzon¹

E-mail: claudiolauerjr@gmail.com

1-Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Dep. de Microbiologia, UFRGS, Brasil.

2-Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Instituto de Biotecnologia, UFRGS, Brasil.

3-Centro de Estudos Costeiros, Limnológicos e Marinhos, UFRGS, Brasil.

4-Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, Instituto de Biociências, UFRGS.

5-Departamento de Ciências dos Alimentos, UFRGS, Brasil.

Atualmente, há uma escassez de informações sobre a microbiota intestinal bacteriana de pinguins selvagens, principalmente durante o período de migração. Durante este período, alguns pinguins jovens e magros são encontrados nas praias do litoral gaúcho, pois estes animais não conseguiram acompanhar seus bandos ao nadar, devido sua deficiência energética e a pouca gordura corporal para mantê-los aquecidos. Considerando a falta de informações sobre a microbiota destas aves em relação a sua condição corporal, o objetivo deste estudo foi avaliar e comparar a possível relação entre a massa corporal e a diversidade bacteriana gastrointestinal de pinguins-de-Magalhães (*Spheniscus magellanicus*) jovens e magros encontrados nas praias do litoral gaúcho. Para tanto, foram coletadas amostras da cloaca de 19 pinguins vivos, as quais foram reunidas em seis *pools* e subdivididas em dois grupos denominados: magros e caquéticos, conforme suas massas. O DNA extraído das amostras foi amplificado usando o conjunto de *primers* 515F / 806R (referentes à região V4 do gene *16S rRNA*) e sequenciado utilizando a plataforma MiSeq da Illumina. As sequências resultantes foram analisadas usando os *softwares* Mothur e Qiime. Os resultados mostraram que a abundância era dominada por poucos grupos taxonômicos e não houve diferenças ($P > 0,05$) entre os grupos. As análises de alfa-diversidade e beta-diversidade não apresentaram diferenças significativas entre os grupos. Além disso, não se observou nenhum táxon diferencialmente abundante entre os grupos. Dessa forma, conclui-se que as comunidades microbianas presentes em pinguins-de-Magalhães magros e caquéticos são semelhantes, e não afetam suas condições físicas, o que indica que a diferença aparente entre os grupos seja relacionada apenas a diferenças de peso.

Palavras-chave: microbiota, aves silvestres, gastrointestinal, *16S rRNA*.

EFEITO ANTIMICROBIANO DE EXTRATOS VEGETAIS SOB UMA COMUNIDADE MICROBIANA DETERIOGÊNICA DE BIODIESEL

Juciana Clarice Cazarolli¹, Thais Livramento Silva¹, Jhonata Rodrigues de Brito¹, Luisa Helena Cazarolli², Larissa Canhadas Bertan², Maria do Carmo Ruaro Peralba¹, Fátima Menezes Bento¹

(jucianacazarolli@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 - Porto Alegre, RS, Brasil

2 – Universidade Federal da Fronteira Sul, Campus Laranjeiras do Sul.

Além de reações de natureza hidrolítica e oxidativa que contribuem em alterações na estabilidade do biodiesel, o crescimento microbiano durante o seu armazenamento pode resultar na formação de depósitos e borras durante a estocagem do combustível. A estabilidade ao armazenamento pode ser garantida pelo uso de antioxidantes e produtos antimicrobianos. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de uso de produtos naturais como aditivos antimicrobianos para uso em biodiesel. Foram utilizados seis extratos vegetais: Curcumina, Limoneno, Erva Mate (p), Alho, Jabuticaba e Erva Mate. Foi preparado uma solução estoque de 4 g/L de cada potencial aditivo em caldo Luria Bertani (LB) e biodiesel (dependendo de sua solubilidade em óleo e/ou água) e então realizada uma diluição sucessiva, em meio LB e em biodiesel, obtendo-se as concentrações de 2 e 1 g/L, em triplicata. Aos frascos contendo 5mL de biodiesel posteriormente às diluições adicionou-se 3 mL de meio mínimo mineral. Frascos com a mesma constituição, mas sem os aditivos, foram considerados os frascos controle (0 g/L). Após as diluições foi adicionado a cada frasco um inóculo não caracterizado na concentração de 10^5 células ml^{-1} , preparado de acordo com a Norma ASTM E1259-16. As análises foram realizadas durante 14 dias através da determinação da concentração inibitória mínima (CIM) e da concentração biocida mínima (CBM). Após 14 dias a biomassa microbiana foi recuperada por filtração e quantificada por método gravimétrico. Para todos os extratos avaliados não foram observadas atividades antimicrobiana, bem como não foi detectada atividade biocida sobre os microrganismos presentes no inóculo não caracterizado. Com base nos resultados obtidos dos valores de biomassa, foi observado que alguns extratos estimularam o desenvolvimento microbiano, sendo que apenas o extrato de alho apresentou redução ($p < 0,05$) na quantidade de biomassa recuperada dos frascos.

Palavras-chave: biodiesel, aditivos naturais, microrganismos, biodeterioração

Agência de fomento: Capes e CNPq

POTENCIAL BIOPESTICIDA DO ÁCIDO ÚSNICO.

Daniela Fernandes Ramos¹, Priscila Cristina Bartolomeu Halicki¹, Rodrigo Brum², Flávio Manoel Rodrigues da Silva Jr.²

danielaramos@furg.br

1 – Núcleo de Pesquisa em Microbiologia Médica, Faculdade de Medicina, Universidade Federal de Rio Grande - FURG, Rio Grande, RS, Brasil.

2 – Laboratório de Ensaio Farmacológicos e Toxicológicos, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande – FURG, Rio Grande, RS, Brasil.

O uso de agrotóxicos tem sido apontado como um importante problema de saúde pública, uma vez que seu uso indiscriminado na agricultura tem estado associado tanto com a exposição ocupacional quanto contaminação ambiental, o que afeta direta ou indiretamente a saúde humana. Neste sentido, os produtos naturais têm sido considerados uma alternativa para substituição dos agroquímicos convencionais. Os líquens são parte integrante de todos os ecossistemas, contribuindo para fixação e captura de nutrientes essenciais ao meio ambiente, o que lhes confere efeitos alelopáticos, já descritos. Esses efeitos têm sido atribuídos a gama de metabólitos secundários produzidos, entre eles, cabe destacar o ácido úsnico. Embora essa substância líquênica apresente muitas propriedades biológicas, não há registros de sua aplicação nas áreas agrícolas como biopesticida. Desta forma, esse estudo teve como objetivo avaliar a atividade antimicrobiana e fitotóxica do ácido úsnico. Com base nos resultados obtidos até o momento, o ácido úsnico apresentou concentração mínima inibitória de 0,25 mg /mL frente a *Pseudomonas aeruginosa*, e, nesta concentração, não foram observados efeitos fitotóxicos sobre sementes de alfafa (*Medicago sativa*). Além disso, o ácido úsnico foi capaz de incrementar em 23% a taxa de germinação das sementes. Considerando a atividade seletiva do ácido úsnico frente a *P. aeruginosa* sem causar efeitos adversos as plantas, este composto apresenta potencial para o desenvolvimento de um bioherbicida em programas de controle de pragas.

Palavras-chave: líquens; agrotóxico; fitotoxicidade; antimicrobiano (até cinco palavras)

Agência de fomento:

Perfil de suscetibilidade a antimicrobianos e formação de biofilme em bactérias resistentes a tetraciclina provenientes da Laguna de Tramandaí, RS

Aline Reis Müller¹, Débora Ribeiro dos Santos¹, Gertrudes Corção¹

(alinemuller1@hotmail.com)

1- Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

Ambientes aquáticos têm demonstrado importância em relação à aquisição e disseminação de resistência à antimicrobianos em bactérias. Tal fato tem gerado preocupação aos órgãos de saúde pública uma vez que essas bactérias podem entrar em contato com os seres humanos e causar infecções ou disseminar genes de resistência entre as bactérias da microbiota. Frente a este problema, o presente estudo teve como objetivo determinar o perfil de suscetibilidade a antimicrobianos e analisar a capacidade de produção de biofilme de bactérias resistentes a tetraciclina de diferentes espécies provenientes da Laguna de Tramandaí. Um total de 38 isolados foram obtidos de placas de ágar PCA suplementados com tetraciclina (20ug/ml) e identificados através da técnica de ionização e dessorção a laser assistida por matriz (MALDI). O perfil de susceptibilidade a antimicrobianos foi avaliado através da técnica de disco-difusão frente a 18 antimicrobianos (onze classes diferentes) em 34 bactérias Gram-negativas (*Pseudomonas* sp, *Serratia* sp, *Morganella* sp, *Citrobacter* sp, *Providencia* sp e *E. coli*) e oito antimicrobianos (sete classes diferentes) em quatro bactérias Gram-positivas (*Enterococcus* sp). Para o teste do biofilme, suspensões bacterianas foram incubadas em microplacas de 96 poços, para então passarem por lavagens, fixação com metanol e coloração com cristal violeta. A leitura foi realizada através do método de espectrofotometria (570 nm). Dos 38 isolados bacterianos, 35 foram considerados multirresistentes a antimicrobianos. As maiores taxas de resistência a antimicrobianos observadas entre as bactérias Gram-negativas foram para eritromicina (94%), ampicilina e amoxicilina-ácido clavulânico (76,5% e 67,6%) e sulfametoxazol-trimetoprim (38,2%). As bactérias Gram-positivas mostraram maior resistência à vancomicina, ampicilina, norfloxacina e estreptomicina (todas com uma taxa de 50%). O teste do biofilme foi realizado até o momento em 37 isolados. Desses, 16 foram considerados fortemente formadores de biofilme e 15 foram apontados como multirresistentes. Todos os isolados fortemente formadores de biofilme se mostraram resistentes à eritromicina, 68,75% resistentes à ampicilina, 68,75% à amoxicilina ácido-clavulânico, 50% à nitrofurantoina, 43% à cefoxitina, 37% a clorafenicol, 25% a sulfametoxazol-trimetoprim e 12,5% à gentamicina. Assim, os resultados sugerem possivelmente haver uma relação entre a multirresistência à antimicrobianos e a alta capacidade de produção de biofilme.

Palavras-chave: bactérias, ambiente aquático, resistência, biofilme, antimicrobianos.

Órgão fomentador: CAPES. FAURGS.

AVALIAÇÃO DA CÁPSULA POLISSACARÍDICA EM LEVEDURAS RESISTENTES A ANTIFÚNGICOS

Carine Cristina Tavares de Souza¹, Danielle Machado Pagani¹, Audren Monteiro¹, Renata Ott¹, Iasmin Rios¹, Maria Lúcia Scroferneker¹, Patrícia Valente¹

(cacacristina@gmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS

A cápsula polissacarídica é uma matriz compacta, gelatinosa. Sua presença pode determinar a virulência de muitos microrganismos, bem como protegê-la contra a fagocitose de células dos hospedeiros, além de oferecer proteção contra danos ambientais como dessecação e insolação. Conhecer a formação dessa matriz é importante para que possamos definir quais métodos devemos adotar frente à resistência dos organismos. A partir disso, o presente trabalho objetivou avaliar se há influência na espessura da cápsula polissacarídica de leveduras resistentes a agentes antifúngicos, isoladas da Laguna de Tramandaí-RS, utilizando diferentes meios de cultivo. Para determinar a atividade antifúngica, foram isoladas 20 leveduras, sendo que dessas, 12 foram consideradas resistentes conforme o protocolo M27-43 do Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI) para os antifúngicos fluconazol, terbinafina, anfotericina B e caspofungina, através da técnica de microdiluição. As leveduras foram identificadas por meio de sequenciamento parcial do rDNA. Dentre as leveduras consideradas resistentes, destacamos as espécies identificadas como *Rhodotorula mucilaginosa* e *R. taiwanensis*, *Papilotrema laurentii* e *Candida pseudolambica*. Para a observação da cápsula, adotou-se a técnica de coloração negativa com tinta nanquim. Num primeiro momento, inoculou-se as amostras de leveduras resistentes nos caldos RPMI, YPD, Sabouraud com malte e Sabouraud com NaCl, sob agitação de 150 rpm a 37°C. O crescimento foi observado, microscopicamente, no terceiro, sétimo e décimo quarto dias de incubação. *Cryptococcus neoformans* ATCC 32045 serviu como controle para a análise do tempo de incubação em relação ao tamanho da cápsula. O caldo sabouraud com malte foi o meio de cultivo no qual as leveduras apresentaram cápsulas mais espessas, apesar da diferença não ter sido significativa. Como os testes de susceptibilidade aos antifúngicos são realizados em meio RPMI (protocolo M27-43 do CLSI), a presença de cápsula polissacarídica pode estar influenciando a interação dos agentes antifúngicos com as células das leveduras, consequentemente resultando em maior resistência aos mesmos.

Palavras-chave: cápsula, leveduras, resistência aos agentes antifúngicos.

Agência de fomento: CAPES

CO-CULTIVO DE *Staphylococcus aureus* E *Staphylococcus epidermidis* PARA AVALIAÇÃO DE PRODUÇÃO DE ENTEROTOXINAS ESTAFILOCÓCICAS

Alice Giugno Gomes¹, Gertrudes Corção¹ e Marisa da Costa¹

(aliceg.gomes@terra.com.br)

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

A pesquisa de microrganismos do gênero *Staphylococcus spp.* em alimentos restringe-se às espécies coagulase positivas em virtude do reconhecido potencial enterotoxigênico das mesmas. No entanto, a presença de genes de enterotoxinas estafilocócicas e a expressão destas em espécies coagulase negativas são bastante reconhecidas. O objetivo deste trabalho é verificar se existe colaboração entre estafilococos coagulase positivos e negativos na expressão de genes de enterotoxinas estafilocócicas clássicas a partir de co-cultivos e verificação da expressão desses genes através da PCR em tempo real transcriptase reversa. A metodologia do trabalho compreende co-cultivos entre duas bactérias produtoras de uma mesma enterotoxina (enterotoxina A) e entre uma positiva e uma negativa para outra enterotoxina (enterotoxina B) em diferentes proporções celulares (50/50, 30/70 e 70/30), seguidos da extração de RNA total, em momentos correspondentes ao início, meio e final da fase logarítmica de crescimento, para posterior realização de PCR em tempo real transcriptase reversa. Através da PCR convencional os genes das enterotoxinas estafilocócicas clássicas (*sea*, *seb*, *sec*, *sed* e *see*) foram pesquisados em cinco cepas de *S. aureus* controle (ATCC 13565, 14458, 19095, 23235 e 27664), em uma cepa de *S. epidermidis* (ATCC 12228) e em três estafilococos coagulase negativos de origem alimentar (*S. hominis*, *S. pasteurii* e *S. warneri*). Os genes para as enterotoxinas A e D foram encontrados em todos os estafilococos coagulase negativo pesquisados. *S. pasteurii* foi positivo também para *seb* e *see* e *S. epidermidis* também foi positivo para *see*. As bactérias escolhidas para realização dos co-cultivos foram: *S. aureus* controle para *sea*, *S. aureus* controle para *seb* e *S. epidermidis* (positivo para *sea* e negativo para *seb*). Curvas de crescimento de 12 horas para as três bactérias permitiram definir os momentos de extração de RNA total: duas, cinco e oito horas para os co-cultivos de *S. aureus* positivo para *sea* e *S. epidermidis*; duas, quatro e sete horas para os co-cultivos de *S. aureus* positivo para *seb* e *S. epidermidis*. Todos os experimentos acima foram executados em triplicata. As PCR para otimização dos genes constitutivos (*recA* e *gyrB*) que serão utilizados nas reações de PCR em tempo real transcriptase reversa e os co-cultivos estão sendo realizados.

Palavras-chave: enterotoxinas, co-cultivos, expressão gênica.

DETECÇÃO DO MASTADENOVÍRUS HUMANOS NAS ÁGUAS DO RIO CATURETÊ, SARANDI, RIO GRANDE DO SUL

Rute Gabriele Fiscoeder Ritzel¹, Tatiana Moraes da Silva Heck¹, Brenda Katelyn Viegas da Rosa ¹,
Fabiano Costa de Oliveira¹, Rodrigo Staggemeier¹, Sabrina Esteves de Matos Almeida¹

(rutegabriele@gmail.com)

1 – Universidade Feevale

Com a crescente urbanização próxima aos rios, o escoamento de esgoto doméstico não tratado tornam os recursos hídricos veículos de disseminação dos microrganismos patogênicos. O Rio Caturetê é proveniente da Bacia do Rio Várzea, sendo formado por um conjunto de arroios oriundos da cidade de Sarandi-Rs. Os *Mastadenovírus humanos* (HAdV) são vírus entéricos, causadores de gastroenterites, o contágio ocorre por via fecal-oral e geralmente acometem crianças menores de cinco anos. Estes vírus são resistentes ao meio ambiente e ao trato gastrointestinal, além de serem bons indicadores de qualidade ambiental. Este trabalho tem por objetivo avaliar a contaminação ambiental, de origem fecal, existente em amostras de águas do Rio Caturetê por meio da detecção molecular. Foram coletadas cinco amostras de água, em frascos estéreis de 500 ml, em cinco pontos ao longo do Rio Caturetê. As coletas foram realizadas no mês de outubro/2018. A obtenção de partículas virais ocorreu pelo método de ultracentrifugação, os genomas virais foram extraídos por meio do kit de extração Mini Spin Plus (BIOPUR), posteriormente, a quantificação das cópias genômicas (cg) do HAdV foi obtida por meio da técnica de qPCR (cadeia de polimerase em tempo real) utilizando o kit SYBR Green. A metodologia detectou HAdV em 80% das amostras, onde apenas no ponto três não obteve-se quantificação. Os pontos cinco ($1,08 \times 10^6$ cg/L) e dois ($3,15 \times 10^5$ cg/L) apresentaram maior e menor resultado, respectivamente. O Rio Caturetê abastece a população residente do município de Sarandi, o ponto cinco localiza-se próximo ao despejo de esgoto das comunidades ribeirinhas e do centro urbano. O presente estudo revelou um déficit no saneamento básico, oferecendo risco à saúde da comunidade local, devido ao tratamento de água ineficiente o qual otimiza a circulação do vírus nas populações e no meio ambiente.

Palavras-chave: contaminação ambiental, Mastadenovírus Humano, recursos hídricos

Agência de fomento: Universidade Feevale; CAPES

MONITORAMENTO DA CONTAMINAÇÃO POR *Listeria monocytogenes* DE QUEIJOS E FIAMBRES EM LABORATÓRIO DE FIAMBREIRIAS DE SUPERMERCADOS LOCALIZADOS NO MUNICÍPIO DE PORTO ALEGRE/RS

Juliana Querino Goulart¹, Aline Veiga dos Santos¹; Amanda Brito de Freitas¹ e Paula Marques Rivas²

(juquerino@gmail.com)

1- Escola de Saúde Pública do Rio Grande do Sul – ESP/RS

2- Coordenadoria Geral de Vigilância em Saúde de Porto Alegre - CGVS

A *Listeria monocytogenes*, um microrganismo amplamente distribuído no ambiente, é agente causador de doenças transmitidas por alimentos (DTA). Sua capacidade de resistir a ambientes adversos a torna uma grande preocupação em locais de produção de alimentos. Levando em consideração que sua presença em alimentos pode ser danosa à saúde, principalmente quando se trata de produtos de origem animal, este estudo teve por objetivo verificar, a partir de coletas de monitoramento realizadas pela Equipe de Vigilância de Alimentos da Coordenadoria Geral de Vigilância em Saúde (SMS/CGVS/EVA), a contaminação por *L. monocytogenes* em queijos e fiambres fatiados nos laboratórios de fiambreirias em dois supermercados localizados no município de Porto Alegre/RS. Para isso foram coletadas 58 amostras compostas por 100g cada, sendo 30 coletadas no supermercado A e 28 no B. Essas amostras foram encaminhadas ao Laboratório Central do Estado do Rio Grande do Sul (LACEN/RS) para a realização da pesquisa de *L. monocytogenes*. Das amostras analisadas no supermercado A, apenas uma foi positiva para a presença deste microrganismo. Já no supermercado B, duas amostras foram positivas. Por ser difundida no meio ambiente, o controle da *L. monocytogenes* nas instalações de produção de alimentos requer constante atenção de seus gestores. Aplicação de ferramentas como as Boas Práticas de Fabricação (BPF), Procedimentos Operacional Padronizado de Higiene (POP) e Análise de Perigos e Pontos Críticos de Controle (APPCC), quando efetivamente implantadas pela indústria, podem constituir controles que minimizam os riscos associados à presença de *L. monocytogenes* nos alimentos.

Palavras-chave: DTA, queijos, fiambres, vigilância em saúde.

SOBREVIVÊNCIA DE *ESCHERICHIA COLI* EM CARNE BOVINA TRATADA TERMICAMENTE EM SISTEMA *SOUS VIDE*

Larissa Pires Ferigolo¹, Susana de Oliveira Elias², Mercedes Passos Geimba³, Eduardo César Tondo²

(sissaferigolo@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente – Instituto de Ciências Básicas da Saúde – UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

2 - Instituto de Ciência e Tecnologia de Alimentos -UFRGS , Porto Alegre, RS, Brasil.

3 – Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia – Instituto de Ciências Básicas da Saúde – UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

A carne bovina é amplamente preparada em serviços de alimentação, sendo frequentemente envolvida em surtos alimentares. A preparação de refeições exige que os processos sejam práticos e seguros, sendo o *sous vide* uma ótima alternativa para a preparação de carnes. O *sous vide* é um sistema que aplica temperaturas de 50 a 95 °C a alimentos embalados a vácuo, seguido de resfriamento e estocagem de 0 a 3 °C, propiciando a preservação sensorial e nutricional dos alimentos, aumentando sua vida útil. Um “pool” de *Escherichia coli* foi inoculado (10^7 UFC/g) em amostras de 100g de carnes. As amostras embaladas a vácuo foram submetidas ao cozimento de 54,4 °C por 24h. Contagens microbiológicas foram realizadas nos tempos estipulados de 0, 1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 24 horas, conforme os parâmetros da RDC 12/2001, ANVISA (BRASIL, 2001). As amostras foram avaliadas quanto ao seu pH, atividade de água e temperaturas, a fim de monitorar as condições iniciais e posteriores ao processo de *sous vide*. Todas as amostras incluindo os controles foram realizadas em triplicata. As alterações da microbiota das preparações, antes e após o processamento foram investigadas através de análises proteômicas realizadas por Espectrometria de Massa Associada a Dessorção/Ionização de Matriz Assistida por Laser (MALDI-TOF/MS). Os dados experimentais de inativação térmica serão fitados aos modelos lineares e não lineares gerados pelo *software GInaFit*. De acordo com os resultados a partir de 5 horas de cozimento o alimento encontra-se dentro dos parâmetros de segurança microbiológica estipulados pela legislação, a partir de 6 horas há inativação total do microrganismo *Escherichia coli*. Assim, podemos afirmar que o sistema *sous vide* confere segurança microbiologia estando alinhado aos parâmetros estabelecidos como seguros pela legislação brasileira às carnes bovinas, desde que o tempo de cocção seja acima de 6 horas.

Palavras-chave: carne bovina, *sous vide*, alta gastronomia, vácuo, *Escherichia coli*.

ENSAIO DE SENSIBILIDADE PARA AMPLIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA A B-LACTÂMICOS EM DNA DE ISOLADOS BACTERIANOS E DE AMOSTRAS AMBIENTAIS

Laura Nunes de Souza¹, Gertrudes Corção¹

(lauralicka@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 - Porto Alegre, RS, Brasil

β -lactâmicos é o grupo de maior relevância do ponto de vista clínico e econômico dentre as diferentes classes de antimicrobianos e sua forma de atuação ocorre através da inibição da síntese da parede celular bacteriana. Os microrganismos podem desenvolver resistência a esses medicamentos, sendo a mais comum a presença de genes de resistência que codificam a enzima β -lactamase. Para detecção desses genes em microrganismos isolados ou em DNA total de amostras ambientais utiliza-se amplamente a técnica de reação em cadeia da polimerase e posteriormente sequenciamento dos genes. Os resultados positivos indicam a presença do gene pesquisado no microrganismo, enquanto que os resultados negativos sugerem que o microrganismo testado ou a amostra não possui o gene alvo. Entretanto, a eficiência da reação pode ser reduzida quando baixas concentrações de DNA estão presentes, gerando resultados falso negativos. Por esse motivo, é importante determinar a sensibilidade das reações de PCR quanto à quantidade limite de DNA detectável presente, uma vez que este limite pode variar de acordo com o fragmento de DNA alvo a ser amplificado. Este trabalho tem como objetivo realizar um ensaio de sensibilidade em DNA de isolados bacterianos e de amostras de água da Laguna de Tramandaí, verificando a concentração mínima de DNA que a reação é capaz de detectar para os genes *bla*_{CTX-M}, *bla*_{GES-like}, *bla*_{SPM-1}, *bla*_{OXA48} e *bla*_{KPC}. Bactérias controle positivas para estes genes foram utilizadas para o ensaio de sensibilidade. O DNA genômico dos isolados bacterianos foi extraído pelo método de resina Chelex100 e das amostras ambientais pelo kit de extração MoBio, posteriormente os DNAs foram quantificados por fluorometria (Quantus da Promega). Para os isolados as concentrações variaram de 1,2 a 12,8 ng/ μ l e entre as amostras ambientais as concentrações variaram de 2,1 a 6,3 ng/ μ l. A partir da concentração de DNA obtida, serão realizadas sucessivas diluições da solução original: 2ng/ μ l, 1ng/ μ l, 0,5ng/ μ l, 0,05ng/ μ l, 0,005ng/ μ l e 0,001ng/ μ l para o ensaio de sensibilidade na amplificação dos genes. Atualmente estão sendo realizadas as padronizações das reações de PCR, e até o momento a reação para o gene *bla*_{GES-like} foi padronizada. Para este gene a amplificação das diluições foi positiva para todas as concentrações (2 ng/ μ l até 0,001 ng/ μ l) testadas no controle positivo (*Pseudomonas aeruginosa*).

Palavras-chave: DNA genômico, ambiente aquático, amplificação, sensibilidade, β -lactâmico.

Agência de fomento: CAPES, FAURGS.

ESTABELECIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE UMA COLEÇÃO DE CEPAS DE *Escherichia coli* CAUSADORAS DE MENINGITE NEONATAL BRASILEIRA

Jacques, S.I.¹, Martins, T.W.¹, Cardoso, M.¹, Santos, L.F.², Horn, F.¹

(monijac@gmail.com)

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS.

2 – Instituto Adolfo Lutz (IAL), São Paulo, SP.

As cepas de *Escherichia coli* patogênicas extra-intestinais (ExPEC) são responsáveis por várias infecções fora do trato gastrointestinal tanto em humanos como em animais domésticos e de criação. ExPEC compartilham vários fatores de virulência, embora habitem hospedeiros e nichos diferentes. As cepas de *Escherichia coli* causadoras de meningite neonatal (NMEC) são a principal causa de meningite em recém-nascidos prematuros de muito baixo peso corporal, no entanto são poucos os dados acerca deste patógeno, sobretudo no Brasil. Este estudo visa montar e caracterizar uma coleção brasileira de cepas de NMEC oriundas do Instituto Adolfo Lutz (IAL), sequenciar o genoma dos isolados de NMEC, e executar através da bioinformática a montagem e anotação dos genomas sequenciados. Também pretendemos verificar a interação dos isolados de NMEC com células micro endoteliais de cérebro humano (linhagem HBMEC). Até o momento obtivemos doze cepas NMEC do IAL, das quais efetuamos análise por *Pulsed-field gel electrophoresis* (PFGE) de acordo com o Protocolo PulseNet, utilizando enzima de restrição *Xba*I. O resultado do PFGE apontou a existência de duas cepas clones e uma cepa que não clivou (experimento repetido três vezes). Os DNAs das cepas de NMEC e de uma cepa de APEC (MT78) foram extraídos (PureLink™ Genomic DNA Mini Kit-Thermo Fisher) e sequenciados por Illumina, MicrobesNG (Inglaterra). No momento estamos executando a montagem dos onze genomas pela abordagem De Novo. Uma vez montados, esses genomas de NMEC serão usados para analisarmos a proximidade filogenética não apenas com os genomas de outras NMEC como também com os genomas de *E.coli* uropatogênicas (UPEC) e patogênicas aviárias (APEC). Os genomas dos onze isolados serão também analisados para a presença de genes associados a virulência de ExPEC, genes de resistência a antimicrobianos, sorogrupo, grupamento filogenético e a classificação do MLST (*multi locus sequence type*). Coleções de isolados clínicos e a caracterização de seus genomas são fundamentais para a melhor compreensão do patógeno e da doença, e contribuem para o avanço científico e saúde pública.

Palavras-chave: *E.coli*, meningite neonatal, genoma

Agência de fomento: CNPq

BIODEGRADAÇÃO DE ATRAZINA ESTIMULADA POR *Saccharomyces cerevisiae* E PALHA DE MILHO

Nathalia Marcon Toller¹, Elisete Guimarães¹, Claudia Eugênia Castro Bravo¹

(nathaliatoller@hotmail.com)

1 – Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, campus Francisco Beltrão

Tendo em vista os vários problemas ambientais e de saúde que o uso crescente de agrotóxicos vem causando é necessário a otimização de técnicas a fim de acelerar a sua degradação. Mesmo sendo de uso proibido na Europa, a atrazina (2-cloro-4-etilamino-6-isopropilamino-striazina) ainda é muito utilizada em vários países, onde é utilizada como herbicida no controle de ervas daninhas, principalmente nas culturas de milho e cana-de-açúcar. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o efeito do bioaumento e do bioestímulo na degradação da atrazina em solo com histórico de utilização deste herbicida. Através de um planejamento experimental, as influências do bioaumento com *Saccharomyces cerevisiae* proveniente do resíduo de levedura da indústria cervejeira, adição de palha de milho e dosagem do herbicida (0,5, 1,5 e 2,5 μLg^{-1}) foram quantificadas. Para determinar a quantidade de CO_2 liberado durante os ensaios, o qual reflete a atividade da microbiota do solo responsável pela degradação de compostos orgânicos, foi utilizada a técnica da respiração basal do solo. E, para quantificar a concentração de atrazina ao longo do experimento (início, sete, 14 e 60 dias) foi realizada cromatografia gasosa acoplada ao espectrômetro de massas (CGMS). Outra análise realizada foi a espectroscopia de infravermelho médio com transformada de Fourier (FTIR) com a finalidade de constatar a mineralização do nitrogênio dos grupos aminas. Por meio da análise estatística dos dados de respiração basal verificou-se que a biomassa de levedura foi o fator de maior significância, seguido da palha de milho. Os resultados de CGMS revelaram que em todos os experimentos houve uma redução de mais de 55% dos níveis de atrazina nos primeiros 7 dias, sendo que em 8 dos ensaios essa redução chegou a mais de 72%. E, após 60 dias, notou-se uma remoção de mais de 99,5% da atrazina para todos os tratamentos. Em todos os espectros FTIR, verifica-se as inflexões em 3690 e 3620 cm^{-1} , atribuída a hidroxilas (OH^-), da caulinita e a banda em 3530 cm^{-1} refere-se ao estiramento Al-O-H da gibbsita. A banda na região de 3440 cm^{-1} que é atribuída a grupos aminas, apresentou um ligeiro aumento do 1º para o 14º dia de incubação. A banda em 1620 cm^{-1} é atribuída a deformação axial assimétrica do ânion carboxilato deionizado ou em ligação iônica com metal. Portanto, sugere-se que a adição de *Saccharomyces cerevisiae* é o principal fator responsável por elevar as taxas de degradação do herbicida em questão no solo.

Palavras-chave: Bioaumento; bioestimulação; agrotóxicos; respiração basal do solo.

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

CLASSIFICAÇÃO TAXONÔMICA DE ISOLADOS DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS

Heloísa Giacomelli Ribeiro¹, Sueli Teresinha Van der Sand¹

(heloisagiacomelli@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).

Fungos são microrganismos eucarióticos, unicelulares ou pluricelulares, que podem ser encontrados em diversos ambientes. Alguns fungos podem causar avarias em plantas, sendo assim classificados como fungos fitopatogênicos. Para investigar a presença destes fungos utilizam-se técnicas de classificação taxonômica tais como: crescimento em meios de cultivos em temperatura controlada, microcultivo e sequenciamento da região ITS. Este trabalho tem como objetivo classificar 47 fungos filamentosos fitopatogênicos, que foram isolados de solo e plantas, pertencentes à coleção de microrganismos do Laboratório de Microbiologia Aplicada do ICBS/UFRGS. Para análise morfológica, os isolados fúngicos foram inoculados em meio Ágar Batata Dextrose, Ágar Cenoura e Ágar V8 - Batata Dextrose e incubados de 5 a 10 dias a 28°C. Para avaliar as estruturas reprodutivas que permitem a classificação de gênero foram feitos microcultivos destes isolados pelo período de 7 a 14 dias a 28°C. Para a determinação das espécies foram amplificadas as regiões ITS1 5.8S ITS4. 70% dos isolados foram identificados em nível de gênero pela técnica de microcultivo, em conjunto com as características morfológicas apresentadas em placa. 58% dos fungos foram enviados para análise de sequenciamento, entre estes, os 30% não identificados através do microcultivo. Como resultado parcial, 52% destes isolados foram identificados em nível de espécie, onde um isolado apresentou resultado diferente do observado no microcultivo. A identificação dos fungos através do microcultivo depende diretamente da produção de esporos para análise visual. Alguns dos fungos analisados não produziram esporos, o que pode estar relacionado aos componentes nutricionais dos meios de cultivo. A identificação visual depende do conhecimento, pelo observador, da forma do esporo fúngico e por este motivo podem ocorrer discrepâncias entre as análises. Os resultados obtidos até o momento demonstram que para uma identificação confiável é necessário empregar mais de uma técnica de caracterização.

Palavras-chave: Fungos, técnicas, classificação.

Agência de fomento: Capes

ESTUDOS DOS *Enterococcus* sp. ISOLADOS DE FEZES DE GRAXAIM-DO-CAMPO (*Lycalopex gymnocercus* G. Fisher 1814).

Gabriella Araujo¹, Luana Godoy², Rebeca Inhoque³, Felipe Peters⁴, Ana Paula Guedes Frazzon¹

(gabriella.araujo@acad.pucrs.br)

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

2 – Graduada em Ciências Biológicas. Universidade Federal do Rio Grande do Sul – Porto Alegre, RS, Brasil.

3 – Mestre em Microbiologia Agrícola e do Ambiente pela Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, Brasil

4 – Graduado em Ciências Biológicas. Universidade Luterana do Brasil - Canoas, RS, Brasil.

Enterococos são bactérias gram-positivas encontrados no trato gastrointestinal de humanos e animais, membros de sua microbiota natural. Porém, por sua flexibilidade genômica, atuam também como microrganismos comensais oportunistas. A importância do estudo deste microrganismo em animais selvagens se dá pela necessidade de conhecer a microbiota presente nos mesmos. A distribuição, perfil de resistência e virulência de enterococos são pouco conhecidos em animais selvagens. Portanto, o presente trabalho tem como objetivo avaliar a distribuição, o perfil de suscetibilidade à antimicrobianos e a presença de genes de virulência das espécies de enterococos isolados de fezes de graxains-do-campo (*Lycalopex gymnocercus*) selvagens. Para a realização deste estudo, foram coletadas amostras fecais de *L. gymnocercus* (n=5) entre os meses de agosto de 2017 e agosto de 2018 em áreas florestais na região sudeste do estado do Rio Grande do Sul, Brasil. O isolamento foi realizado utilizando-se meios de cultura específicos e posteriormente as cepas foram armazenadas a -20°C. A identificação de gênero foi confirmada por reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando oligonucleotídeos iniciadores para o gene *tuf*. A identificação a nível de espécie foi realizada por MALDI-TOF e confirmada por PCR convencional. A determinação de genes de virulência foi realizada por PCR convencional para identificação dos genes *ace*, *agg*, *gelE*, *esp* e *cylA*. A análise fenotípica da atividade dos genes *gelE* e *cylA*, para gelatinase e hemolisinas respectivamente foram testados. Para determinação da sensibilidade bacteriana *in vitro* frente a agentes antimicrobianos utilizou-se a metodologia de disco-difusão, avaliando 12 antimicrobianos, de grupos químicos distintos. De um total de 55 enterococos isolados das amostras de fezes de graxaim-do-campo, *E. faecalis* foi a mais abundante (41,37%). Os genes *gelE*, *ace* e *agg* foram detectados em 41,37%, 43,10% e 15,5% dos isolados, respectivamente. 20,69% isolados apresentaram atividade para a as enzimas gelatinase e 24,13% demonstraram atividade hemolítica. Ainda, 100% dos isolados são resistentes a pelo menos um dos antimicrobianos testados. Em conclusão, diferentes espécies de enterococos fazem parte da microbiota intestinal de graxaim-do-campo e a presença de resistência e virulência neste isolados podem estar relacionadas a fatores antropogênicos ou com o resistoma ambiental.

Palavras-chave: Resistência; Antimicrobianos; Virulência; Silvestres.

ESTRATÉGIAS DE BIORREMEDIAÇÃO *IN SITU* PARA A REDUÇÃO DE HIDROCARBONETOS POLICÍCLICOS AROMÁTICOS PRIORITÁRIOS EM FAZENDA DE LODO ATIVADO: UMA ABORDAGEM COMPARATIVA ENTRE OS MÉTODOS DE BIOAUMENTAÇÃO E BIOESTIMULAÇÃO

Caroline Macedo Carvalho^{1,2}, Guilherme Cauduro^{1,2}, Lívia Anzilago¹, Marcela Marmitt¹, Ana Lusía Leal³, Gabriela Kern¹, Victor Hugo Valiati^{1,2}

carolinecarvalho.21@gmail.com

1 – Laboratório de Genética e Biologia Molecular. Universidade do Vale do Rio dos Sinos.

2 – Programa de Pós-Graduação em Biologia. Universidade do Vale do Rio dos Sinos.

3 – Superintendência de Tratamentos de Efluentes Líquidos - SITEL

Os hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs) são moléculas orgânicas compostas por dois ou mais anéis benzênicos fusionados que podem ser gerados de diversas formas, dentre elas, durante o refino do petróleo. Vários deles são considerados tóxicos, mutagênicos e carcinogênicos, representando alto risco para a saúde humana e animal. O refino do petróleo produz uma grande quantidade de efluentes líquidos, contendo esses compostos, que recebem um tratamento biológico por lodo ativado antes de serem liberados no ambiente. O lodo ativado excedente, oriundo desse tratamento, é depositado no solo de locais denominados fazendas de lodo, levando consigo HPAs persistentes ao tratamento e contaminando o ambiente. Dentro desse contexto, o objetivo do trabalho foi de testar estratégias de biorremediação em solo de fazenda de lodo ativado. Para a escolha da fazenda, amostras de solo de três fazendas de lodo da SITEL (Superintendência de Tratamento de Efluentes Líquidos), localizada no polo petroquímico de Trifunfo, RS, foram submetidas à quantificação de HPAs por meio de cromatografia. O solo da fazenda selecionada foi dividido em seis parcelas de 9 m² cada. Uma parcela foi destinada ao controle, sendo que nessa parcela foi realizada a aeração e o ajuste do pH. Uma segunda parcela receberá um tratamento por bioestimulação e as quatro parcelas restantes serão destinadas à bioaumentação com bactérias do gênero *Burkholderia*, isoladas da área anteriormente e testadas quanto à capacidade de degradação de HPAs. As parcelas de bioaumentação tiveram intervalos e formas de aplicações variadas, com o objetivo de determinar a forma de aplicação mais eficiente na redução dos hidrocarbonetos. A fazenda de lodo selecionada para a aplicação dos tratamentos foi a fazenda 2, que apresentou as concentrações mais elevadas de HPAs, dentre os campos testados. Nesse campo foram detectados 11 HPAs prioritários, sendo que o pireno foi o mais abundante (23,4%), seguido do antraceno (13,93%) e fluoranteno (13,12%). Com essas análises buscamos novas tecnologias para melhorar os processos de biorremediação de áreas altamente impactadas, utilizando bactérias adaptadas a esses ambientes e minimizando assim os impactos ambientais desses poluentes.

Palavras-chave: HPA, biorremediação, petróleo

Agência de fomento: CORSAN - SITEL, Capes – CNPq.

PURIFICAÇÃO PARCIAL E CARACTERIZAÇÃO DE UMA SUBSTÂNCIA ANTIMICROBIANA PRODUZIDA POR *Bacillus* sp. SED 2.2 ISOLADO DE ÁREAS ÚMIDAS NA REGIÃO SUL DO BRASIL

Priscila Ribeiro Jankoski¹, Ana Paula Folmer Correa¹, Adriano Brandelli¹, Amanda de Souza da Motta¹

(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).

As áreas úmidas são importantes ecossistemas, distribuídas em muitas regiões ao longo do planeta e são abrigo para várias espécies bacterianas. O objetivo deste estudo foi prospectar linhagens bacterianas provenientes de sedimentos de uma área úmida em São Leopoldo/RS, quanto à produção de moléculas com atividade antimicrobiana. Para a identificação de um isolado selecionado foi utilizado o sequenciamento do gene 16S rRNA. Foi realizada uma curva de crescimento deste isolado e produção da substância antimicrobiana, em intervalos de 3 horas em um total de 57 horas, foi medida a absorbância a 600 nm em espectrofotômetro, aferição do pH, unidades formadoras de colônias (UFC/mL) e as unidades arbitrárias (UA/mL). A substância antimicrobiana produzida por este isolado foi parcialmente purificada através da precipitação com sulfato de amônio a 60% de saturação, cromatografia de gel filtração (Sephadex G-100) e ultrafiltração e a atividade antimicrobiana foi testada contra a cepa indicadora *Corynebacterium fimi* NCTC 7547. Foi realizada uma eletroforese em gel de poliacrilamida a fim de se estimar o peso molecular e o seu grau de pureza. O sobrenadante bruto foi caracterizado quanto à estabilidade térmica e sensibilidade as enzimas proteolíticas papaína e tripsina. O isolado apresentou uma similaridade de 99% com as sequências do gênero *Bacillus* e deste modo foi identificado como *Bacillus* sp. sed 2.2. A atividade antimicrobiana do *Bacillus* sp. sed 2.2 foi inicialmente detectada na fase de crescimento exponencial, atingindo a atividade máxima do início ao final da fase estacionária entre 33 e 48 horas, com 100 UA/mL. Após a cromatografia de gel filtração, as frações que apresentaram atividade antimicrobiana foram reunidas em um *pool* para as demais etapas do trabalho. Foram obtidas duas frações com a ultrafiltração (retido e filtrado) e a atividade foi observada no retido, com halos de 5 mm em média, essa fração contém peptídeos com peso molecular > 30 KDa. Através da eletroforese em gel de poliacrilamida estima-se que a substância tem massa molecular aproximadamente de 36,5 KDa. O sobrenadante parcialmente purificado manteve-se estável a 100°C por 10 minutos e foi sensível as enzimas testadas na concentração final de 2 mg/mL, sugerindo que o composto seja de natureza protéica. Conclui-se que este isolado obtido de amostras de sedimento é fonte de uma ou mais substância(s) antimicrobiana(s), sendo necessários mais testes para caracterização deste(s) composto(s).

Palavras-chave: Áreas úmidas. Atividade antimicrobiana, *Bacillus* sp. Purificação parcial. Sedimento.

Agência de fomento: CAPES.

METAGENOMIC PROFILE RECOVERED FROM CULEX CORONATOR AND AEDES CRINIFER IN BRAZILIAN PAMPA.

Flavia Regina Girardi Montagner, Caroline Tochetto, Diane Lima, Paulo M. Roehe, Ana Paula Muterle, Ana Claudia Franco

Email: flaviargmontagner@gmail.com

1 - Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

With the development of next-generation sequencing (NGS) analysis, the limitations of traditional methods were overcome, allowing sequencing and identification of previously unknown viral genomes. The present study was carried out to investigate the viral abundance and diversity in three mosquito's populations from the Brazilian Pampa biome using NGS. Here, we analyzed *Aedes crinifer* (ACS- 136 mosquitoes) and *Culex coronator* (CCS- 56 mosquitoes), both collected in the same area (Seival) and *Aedes crinifer* (ACR- 82 mosquitoes) collected in another area (Rebio). Viral DNA was enriched by multiple displacement amplification and viral RNA was enriched with REPLI-g WTA Single Cell Kit (Qiagen). The library was prepared with the Nextera XT DNA Library Preparation Kit (Illumina) and sequencing was performed in an Illumina MiSeq™ platform using Miseq v2 500 cycles (Illumina) kit. For each mosquito pool, a total of 248782, 156670 and 157047 paired-end sequence reads were generated from ACS, ACR and CCS, respectively. Based on the most significant tBLASTx similarities, ten known viral categories were identified: Chrysoviridae, Circoviridae, Flaviviridae, Jingmenvirus, Luteoviridae, Nudiviridae, Partitiviridae, Peribunyaviridae, Sobemoviridae and Rhabdoviridae, as well as unclassified dsDNA and RNA genomic sequences. Virus diversity differed according to the group of mosquitoes analyzed and the highest diversity was found among *Cx. coronator*. This preliminary study shows for the first time the presence of virus genomes in mosquitoes from the Pampa biome, in South Brazil, and further studies are currently being performed to deepen our knowledge on the virus diversity in these arthropods.

Palavras-chave: Metagenomic, Mosquitoes, Pampa, Virome, NGS.

Agência de fomento: CAPES

The background of the image is a microscopic view, likely of biological tissue, showing a complex network of red, fibrous structures. Interspersed among these are numerous white, oval-shaped cells or structures, some of which appear to have a distinct outer layer or membrane. The overall color palette is dominated by shades of red and white, with some darker red areas providing contrast.

Modalidade Clínica

USO DE LARVAS DE *Galleria mellonella* COMO MODELO DE INFECÇÃO PARA *Staphylococcus aureus* MULTIRRESISTENTE

Helber Barboza Pinto¹, Danielle da Silva Trentin¹

helberbpinto@gmail.com

¹Programa de Pós-Graduação em Biociências - Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA)

É tendência mundial a limitação do uso de modelos vertebrados em experimentações e o incentivo pelo uso de modelos alternativos. O invertebrado *Galleria mellonella* tem se destacado na comunidade científica como um hospedeiro alternativo para o estudo de infecções microbianas por diversas razões, dentre elas: fácil manutenção laboratorial; baixo custo; possibilidade de realização de experimentos a 37°C; ausência de restrição ética e correlação positiva entre infecções microbianas em modelo de *G. mellonella* e roedores. O uso de modelos animais é de extrema importância para o melhor entendimento da virulência e resistência *in vivo* de micro-organismos. Assim, o objetivo desse trabalho foi padronizar o ensaio de infecção em larvas de *G. mellonella* para avaliar a virulência de cepas de *S. aureus* resistentes a metilicina (MRSA) e *S. aureus* com resistência intermediária à vancomicina (VISA). Todo o ciclo de *G. mellonella* é mantido em nosso laboratório a 28 °C, e as larvas são alimentadas com ração artificial. Cada grupo experimental foi composto por 10 larvas, pesando entre 220-260 mg. Estas receberam injeção sistêmica de 10 uL no último par de falsas patas com PBS ou diferentes inóculos bacterianos das cepas padronizadas ATCC 43300 (MRSA) e ATCC 700699 (MRSA e VISA), em concentrações entre 2×10^6 a 2×10^7 UFC/larva. A sobrevivência das larvas foi avaliada a cada 24h durante 5 dias por estímulo ao toque. Os experimentos foram realizados no mínimo em triplicata e os resultados foram analisados em curvas de Kaplan-Meier e por cálculo de DL₅₀ com software Graphpad Prism 6.0. Observou-se aumento na mortalidade das larvas conforme a maior concentração do inóculo. Ao final dos 5 dias foram observadas taxas de mortalidade das larvas de 60% e 85%, respectivamente, para as cepas ATCC 43300 e ATCC 700699. A DL₅₀ foi determinada como $1,1 \times 10^7$ UFC/larva e $2,9 \times 10^6$ UFC/larva, respectivamente para as cepas ATCC 43300 e ATCC 700699, evidenciando maior virulência da cepa ATCC 700699. A infecção de larvas de *G. mellonella* com ambas cepas de *S. aureus* apresentou dados reprodutíveis inter-ensaios, representando um atrativo hospedeiro alternativo para estudos preliminares de eficácia de novos compostos ou regimes terapêuticos contra *S. aureus* multirresistentes. O uso deste hospedeiro serve como ponte entre estudos *in vitro* e *in vivo* em mamíferos, respaldando a evolução para testes em roedores de agentes que apresentam sucesso no rastreamento em modelo invertebrado.

Palavras-chave: *Galleria mellonella*, *Staphylococcus aureus*, Interação patógeno-hospedeiro, Virulência, Resistência.

Agência de fomento: Capes e CNPq/Universal 2014.

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE *Escherichia coli* CAUSADORA DE PIELONEFRITE EM ONÇA PINTADA (*Panthera onca*)

Rafaella Dalla Vecchia Sala¹, Júlia Gabriela Wronski², Fernando Froner Argenta², Jacqueline Raiter², Luiza Presser Ehlers², Saulo Petinatti Pavarini², Franciele Maboni Siqueira¹.

rafaella_sala@hotmail.com

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

2- Setor de Patologia Veterinária – Faculdade de Veterinária – Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Escherichia coli patogênicas extra-intestinais (ExPEC) são agentes responsáveis por diversas infecções em sítios distintos. Infecções do trato urinário são causadas por *E. coli* uropatogênicas (UPEC) e são as mais frequentes infecções por ExPEC em animais. No presente estudo, foram analisados fragmentos de rim oriundos de uma onça pintada (*Panthera onca*) que veio a óbito em um zoológico, com um quadro sugestivo de pielonefrite, com o objetivo de identificar e caracterizar o agente causador da doença. Um fragmento do rim coletado durante o procedimento de necropsia, pelo Setor de Patologia Veterinária, foi recebido pelo Laboratório de Bacteriologia Veterinária (LaBacVet) e imediatamente inoculado em ágar sangue 5% e ágar MacConkey e incubado a 37°C por 48h. Posteriormente, as colônias foram analisadas em relação às suas características morfológicas, procedidas de identificação bioquímica e foi realizado teste de susceptibilidade aos antimicrobianos: imipenem, florfenicol, enrofloxacin, ampicilina, ciprofloxacina, ceftazidima, gentamicina, ácido nalidixico, amicacina, nitrofurantoina e sulfazotrim. Após a incubação observou-se crescimento puro nas duas placas com meio de cultivo. As colônias eram cinzas, brilhosas e hemolíticas em ágar sangue, sendo caracterizadas como bacilos Gram-negativos à coloração de Gram, e fermentadoras de lactose, em ágar MacConkey. Nos testes bioquímicos, a bactéria apresentou produção de indol e motilidade positivos sem a produção de H₂S e, não foi capaz de utilizar citrato como fonte de carbono no meio Citrato de Simmons. Assim, o micro-organismo causador da pielonefrite na onça pintada foi caracterizado como *Escherichia coli*. A bactéria apresentou sensibilidade a todos os antimicrobianos testados, sendo intermediária apenas à ampicilina. Por fim, o DNA da bactéria foi extraído por termo extração e empregado em ensaios de PCR, com o intuito de realizar a classificação filogenética da *E. coli*, por PCR quadruplex para os genes: *chuA*, *YjaA*, *TspE4C2.2b/TspE4C2.1b*, *ArpA1* e *Acek*, além da detecção de genes de virulência *HlyA*, *Cnf1*, *Usp*, *PapC*, *Sfa* e *Iha*, por PCR multiplex. A partir dos resultados obtidos a cepa de *E. coli* foi classificada filogeneticamente como pertencente ao grupo F, o qual alberga ExPEC patogênicas, e foi detectado por PCR o gene *Usp*, cujo produto é uma bacteriocina com atividade genotóxica, a qual pode ser a responsável pela severidade do quadro de pielonefrite na onça pintada por esta UPEC aqui descrita.

Palavras-chave: *Escherichia coli* extra-intestinal, classificação filogenética, gene *Usp*.

ACHADOS BACTERIOLÓGICOS EM INFECÇÕES DO TRATO URINÁRIO INFERIOR DE CANINOS DOMÉSTICOS PORTADORES DA SÍNDROME DE CUSHING

Camila Imperico Riboldi¹, Letícia Machado², Milena Cleff de Oliveira², Luana Rodrigues², Álan Gomes Pöppl², Franciele Maboni Siqueira¹.

camilaimpeirco@hotmail.com

1 - Laboratório de Bacteriologia Veterinária (LaBacVet). Faculdade de Veterinária (FAVET). Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

2 - Hospital de Clínicas Veterinárias. FAVET. UFRGS.

A Síndrome de Cushing ou hiperadrenocorticismismo (HAC) é uma doença endócrina frequentemente diagnosticada em caninos domésticos. Pelo efeito crônico e sistêmico da produção de glicocorticoides nos animais acometidos, infecções concomitantes são frequentemente relatadas. O objetivo deste trabalho foi identificar os gêneros bacterianos mais comumente isolados no trato urinário inferior de caninos domésticos com HAC. Foram enviadas ao Laboratório de Bacteriologia Veterinária (LaBacVet) 79 amostras de urina coletadas por cistocentese, provenientes de cães com o diagnóstico HAC. Como controle foram coletadas 13 amostras de urina de animais com suspeita de infecção do trato urinário inferior (ITU). As urinas foram inoculadas em Ágar Sangue ovino 5% e Ágar MacConkey, e incubadas a 37°C durante 24 horas. Após esse período, o crescimento total de unidades formadoras de colônias (UFC) foi contabilizado para a definição do diagnóstico de ITU. Posteriormente, a identificação do isolado bacteriano foi efetuada pela ferramenta Maldi-Tof (Microflex Biotyper). No presente estudo a prevalência de isolados bacterianos nos casos de ITU de animais com HAC foi de 15,9% (12 animais), e o controle foi de 38,5% (cinco animais). Especificamente, foram identificados oito isolados de *Escherichia coli* (47%), seguidos de um isolado de cada uma das seguintes espécies: *Arthrobacter gandavensis* (5,9%), *Citrobacter sedlakii* (5,9%), *Enterobacter aerogenes* (5,9%), *Enterococcus faecium* (5,9%), *Klebsiella variicola* (5,9%), *Pantoea agglomerans* (5,9%) *Proteus mirabilis* (5,9%), *Pseudomonas flavoscens* (5,9%), *Staphylococcus epidermidis* (5,9%), *Staphylococcus equorum* (5,9%), *Staphylococcus pseudintermedius* (5,9%) e *Streptococcus lutetiensis* (5,9%). Infecções mistas foram observadas em 12% dos casos. A maior prevalência encontrada foi da espécie *E. coli*, sendo esta relatada como a espécie bacteriana mais isolada em casos de ITU de cães. Outros gêneros como *Streptococcus* spp. e *Staphylococcus* spp. também são relatados comumente, porém neste estudo, o gênero *Staphylococcus* spp. apresentou uma prevalência de 17,7%, enquanto para *Streptococcus* spp. a prevalência foi de apenas 5,9%, representado por apenas um caso. Com tais resultados, podemos afirmar que a ocorrência de isolamento bacteriano no trato urinário inferior de animais com HAC possui alta prevalência, sendo esta condição relevante para estes pacientes, uma vez que não há a observação de sinais clínicos clássicos de ITU.

Palavras-chave: isolados bacterianos, bacteriologia clínica, Maldi-Tof, infecção trato urinário inferior, *Escherichia coli*

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

AÇÃO FUNGICIDA DE DERIVADOS QUINOLÍNICOS SOBRE CEPAS DERMATOFÍTICAS DE RELEVÂNCIA CLÍNICA

Gabriella da Rosa Monte Machado¹, Bruna Pippi¹, Natália Monteiro da Silva Rodrigues Coutinho², Denise Diedrich³, Thaís Ruaro³, Simone Gnoatto³, Aline Zimmer³, Saulo Fernandes de Andrade^{2,3}, Alexandre Meneghello Fuentes^{2,3}

gabbirosam@gmail.com

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

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

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

Atualmente as dermatofitoses são consideradas a quarta doença infecciosa mais prevalente no mundo, exibindo um constante aumento em sua incidência. Fungos dos gêneros *Microsporium* e *Trichophyton* são os principais agentes causadores dessas micoses. A seleção de espécies dermatofíticas resistentes à terapia clínica tem resultado no aumento da recorrência dessas infecções, principalmente em indivíduos imunocomprometidos. A partir desse contexto, a prospecção de novos agentes com eficácia antifúngica se faz necessária. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o potencial antifúngico e parâmetros toxicológicos de derivados de quinolinas frente a dermatófitos. Os compostos Q 2, Q 10, Q 11, Q 13 e Q 14 foram sintetizados no Laboratório de Fitoquímica e Síntese Orgânica da Faculdade de Farmácia da UFRGS e avaliados frente a 12 cepas dermatofíticas: *Microsporium canis* (MCA 01, MCA 29 e MCA 40), *M. gypseum* (MGY 42, MGY 50 e MGY 58), *T. mentagrophytes* (TME 32, TME 40 e TME 60), *Trichophyton rubrum* (TRU 43, TRU 47 e TRU 51). A determinação da Concentração Inibitória Mínima (CIM) dos compostos seguiu o proposto pelo documento M28 – A2 (CLSI, 2008). O composto Q 13 foi avaliado frente a parâmetros toxicológicos e submetido ao ensaio de tempo de morte celular em diferentes concentrações (CIM, CIM x 2, CIM x 4, CIM x 8) e tempos de leitura. Como resultado, o composto Q 14 foi ativo frente à maioria das cepas testadas (CIM 25 – 50 µg/mL). Já o composto Q 13 foi o mais efetivo, apresentando os menores valores de CIM (12,5 – 50 µg/mL) e ação anti-dermatofítica frente a todas as cepas. Os compostos Q13 e Q 14 não apresentaram citotoxicidade em células Vero em concentrações referentes às suas CIM's. O composto Q 13 não demonstrou irritabilidade e genotoxicidade. Além disso, esse composto demonstrou ação fungicida em 48 h, a qual se manteve até 96 h, comprovando a sua ação anti-dermatofítica. Devido à ausência de toxicidade e irritabilidade, aliada à eficácia antifúngica observada, os derivados quinolínicos demonstram segurança e forte potencial para o desenvolvimento de novos agentes promissores para o tratamento de dermatofitoses.

Palavras-chave: Dermatofitoses, derivados quinolínicos, novas entidades químicas, susceptibilidade antifúngica.

Agência de fomento: CAPES, FAPERGS

***Brevundimonas vesicularis* em placentomas de aborto e em sêmen de ovinos**

Adan Peres Cabreira¹ e Franciele Maboni Siqueira¹

(adan.ufrgs@gmail.com)

1 – Laboratório de Bacteriologia Veterinária (LaBacVet). Faculdade de Veterinária. Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS.

Os abortos são relativamente comuns em ruminantes possuindo grande apelo econômico, sendo que as suas causas podem ser multifatoriais havendo diversos micro-organismos e parasitas potencialmente envolvidos. Nós descrevemos aqui a identificação de *Brevundimonas vesicularis* em sítios que podem ser associados a aborto de ovinos, e ainda uma possível transmissão venérea desta bactéria. O Laboratório de Bacteriologia Veterinária (LaBacVet) recebeu fragmentos de placentoma e líquido abomasal de um aborto ovino, bem como alíquotas de sêmen de um carneiro. As amostras foram inoculadas em: i) Agar Sangue ovino 5% e incubadas em aerobiose por 48h a 37°C; e ii) em meio seletivo Lander's (utilizado em suspeitas de *Campylobacter fetus*) e incubadas a 37°C por 3 dias, sendo posteriormente uma alíquota do mesmo filtrada em membrana de 0,8µm e inoculada em Agar Sangue ovino 5%, incubada a 37°C em atmosfera de microaerofilia por 72h. Em aerobiose, não foi identificado crescimento significativo de micro-organismos. A partir do filtrado do líquido abomasal não foi observado crescimento bacteriano, já no filtrado do placentoma crescimento de pequenas colônias, brilhosas, não hemolíticas e de coloração alaranjada foi identificado, sendo à coloração de Gram bacilos curvos Gram-negativos. No filtrado do sêmen houve crescimento de colônias bacterianas morfotintoralmente semelhantes às identificadas no placentoma. Ao antibiograma as bactérias mostraram o mesmo perfil de susceptibilidade, sendo resistentes à Ciprofloxacina e Trimetoprim. O DNA genômico dos isolados foi extraído por termo-extração, seguido de amplificação por PCR do 16S rDNA e posterior sequenciamento do amplicon. Com isso, os isolados foram identificados como *B. vesicularis*. Destacamos que outros agentes não bacterianos foram pesquisados mas não identificados, além da ausência de lesões histológicas no aborto. A bactéria *B. vesicularis* é um bacilo não fermentativo, raramente relacionado a infecções oportunistas. Até o momento, *B. vesicularis* não havia sido associada à abortos. Todavia, por tratar-se de uma bactéria ubíqua, seria prematuro a afirmação de que a mesma foi a causadora do aborto, no entanto a ocorrência da mesma tanto no placentoma quanto em sêmen pode ser um indicativo de possível envolvimento e transmissão venérea. Trabalhos futuros como monitoramento de sua ocorrência no trato reprodutivo de fêmeas e machos e em amostras de aborto poderão confirmar a relação desta bactéria com abortos.

Palavras-chave: (*identificação molecular*, aborto, infecções venéreas, ovinos)

3-Selenocianatos-indólicos como novas opções terapêuticas para o tratamento de micoses superficiais

Priscilla Maciel Quatrin¹, Gustavo Pozza Silveira¹, Alexandre Meneghello Fuentefria¹

(pri_mq@hotmail.com)

1-Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

Fungos dermatófitos são patógenos capazes de invadir tecidos queratinizados, podendo causar infecções de difícil erradicação na pele, unhas e cabelos, e os gêneros *Trichophyton* e *Microsporum* estão entre os principais agentes causadores. As opções terapêuticas incluem a utilização de cetoconazol, griseofulvina, alilaminas e triazóis, porém, relatos de resistência são comumente observados. Para o tratamento de onicomicoses, antifúngicos orais como a terbinafina e o itraconazol são indicados, porém, apresentam toxicidade, e agentes tópicos como o clicopirox e amorolfina são sugeridos. Os medicamentos tópicos são mais seguros, tornando-os mais atraentes, mas a eficácia clínica é menor quando comparada ao tratamento oral. Nesse sentido, os selenocianatos indólicos podem ser uma estratégia na terapia antifúngica, já que vários estudos com derivados indólicos apresentam atividade antimicrobiana eficaz, e além disso, uma variedade de fármacos comerciais derivam do indol. A atividade antifúngica foi verificada utilizando o método de microdiluição em caldo em RPMI-MOPS (meio RPMI 1640 contendo l-glutamina, sem bicarbonato de sódio – tamponado em pH 7,0 com 0,165 mol/L de MOPS), de acordo com o protocolo padronizado pelo Clinical Laboratory Standard Institute, M38-A2. Foram utilizados 15 isolados clínicos, incluindo *M. gypseum* (MGY 01, MGY 1, MGY 2, MGY 3, MGY 50), *T. mentagrophytes* (TME 1, TME 2, TME 3, TME 40, TME 46), e *T. rubrum* (TRU 2, TRU 3, TRU 45, TRU 47, TRU 51), pertencentes à micoteca do grupo de pesquisa em Micologia Aplicada. A concentração inibitória mínima (CIM) foi definida como a menor concentração da substância na qual o microrganismo testado não demonstrou crescimento visível. A terbinafina foi utilizada com antifúngico de referência. O controle de esterilidade (meio de cultura) e o controle positivo de viabilidade celular fúngica foram utilizados em paralelo. O composto 4a e 4b apresentaram um amplo espectro de ação antifúngica, com média geométrica de CIM de 1,2 e 2,2 µg/mL para os gêneros *Trichophyton* e *Microsporum*, respectivamente. Os selenocianatos indólicos apresentaram uma menor atividade quando comparados à terbinafina (0,02 µg/mL), mesmo assim, com os relatos de resistência sendo frequentemente observados, os compostos podem ser uma alternativa a este antifúngico de referência. Futuramente, formulações contendo esses compostos podem ser aplicadas em estudos pré-clínicos em modelos de infecções superficiais, como onicomicoses.

Palavras-chave: selenocianatos, onicomicoses, resistência, dermatófitos

DERIVADOS DE QUINOLINAS COMO UMA NOVA ALTERNATIVA AO COMBATE DE CEPAS PATOGÊNCIAS DE *CANDIDA* DE DIFÍCIL TRATAMENTO

Natália Monteiro da Silva Rodrigues Coutinho¹, Gabriella da Rosa Monte Machado², Denise Diedrich³, Thaís Ruaro³, Simone Gnoatto³, Aline Zimmer³, Saulo Fernandes de Andrade^{2,3}, Alexandre Meneghella Fuentefria^{2,3}

(gabbirosam@gmail.com)

¹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Faculdade de Farmácia

² Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas e da Saúde, Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente.

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

As candidíases são uma das mais importantes micoses oportunistas presentes na clínica médica, podendo provocar infecção superficial, cutânea ou sistêmica. Seu agente etiológico são as leveduras do gênero *Candida* spp. Esses micro-organismos encontram-se na microbiota humana e estão condicionados ao equilíbrio parasito-hospedeiro, por isso a infecção geralmente é endógena. No entanto, o uso inadequado de antifúngicos e o aumento do número de indivíduos imunocomprometidos têm levado à seleção de isolados resistentes e com uma maior expressão de virulência. Assim, o objetivo principal desse estudo foi prospectar novos compostos com potencial antifúngico que sirvam como alternativa terapêutica no tratamento das candidíases de difícil tratamento, principalmente aquelas causadas por espécies multirresistentes. Seis derivados de quinolinas, denominados: Q2, Q10, Q11, Q12, Q13 e Q14 foram sintetizados no Laboratório de Fitoquímica e Síntese Orgânica da Faculdade de Farmácia da UFRGS. Os compostos foram testados frente a 16 cepas de *Candida* spp.: *Candida albicans* (CA 01, CA05 e CA17), *Candida glabrata* (CG RL24, CG RL34 e CG RL49), *Candida krusei* (CK 02, CK 03 e CK Den43), *Candida parapsilosis* (CP RL13, CP RL38 e CP RL 52) e *Candida tropicalis* (CT 07, CT 72A, CT 72P, e ATCC 750). A determinação da Concentração Inibitória Mínima (CIM) seguiu o proposto pelo documento M27 - A3 (CLSI, 2008). Dentre os compostos testados, Q2, Q12, Q13 e Q14 não apresentaram atividade antifúngica frente à *Candida* spp. nas concentrações testadas. O Composto Q10 apresentou atividade somente para as cepas CK 43 (CIM 25 µg/mL) e CT 72P (CIM 50 µg/mL). Já o composto Q11 apresentou atividade frente à maioria das cepas de *Candida* spp., com CIM variando entre 25-50 µg/mL. O composto Q11 não demonstrou citotoxicidade até 100 µg/mL, o que indica que não houve comprometimento da viabilidade celular em valores referentes às suas CIM's. Os resultados obtidos até o momento mostram a promissoriedade dos derivados de quinolinas como um possível hit de compostos para o desenvolvimento de novos fármacos para o combate das candidíases de difícil tratamento. Os derivados quinolínicos mostraram-se seguros e eficazes nos testes iniciais de eficácia e toxicidade. No entanto, mais estudos estão programados para uma melhor compreensão da dimensão da potencialidade desse conjunto de compostos antifúngicos.

Palavras-chave: *Candida* spp., derivados de quinolinas, novas entidades químicas, susceptibilidade antifúngica

SUSCETIBILIDADE *IN VITRO* DE *Pythium insidiosum* FRENTE AOS ÓLEOS DE *Helianthus annus* L. OZONIZADO, *Eugenia caryophyllata* E SUAS COMBINAÇÕES

Caroline Quintana Braga¹, Cristiane Telles Baptista¹, Júlia de Souza Silveira Valente¹, Carolina Litchina Brasil¹, Daniela Isabel Brayer Pereira¹

carolineqbraga@hotmail.com

¹Universidade Federal de Pelotas, Instituto de Biologia, Programa de Pós Graduação em Parasitologia

Pythium insidiosum é um oomiceto aquático causador da pitiose, uma enfermidade infecciosa, não contagiosa, de prognóstico desfavorável que acomete os equinos, caninos e o homem. A pitiose tem sido relatada em vários países tropicais, subtropicais e temperados. Temperaturas quentes e o acúmulo de água em banhados e lagoas é necessário para a produção de zoósporos infectantes. *P. insidiosum* não possui ergosterol na membrana celular, assim fármacos antifúngicos convencionais são pouco eficazes no combate a esse oomiceto. Diante desses fatos, a terapia utilizando óleos essenciais de plantas bioativas e/ou suas associações surgem como alternativa no combate a esse patógeno. Este estudo avaliou a suscetibilidade *in vitro* de *P. insidiosum* frente ao óleo de *Helianthus annus* L. (girassol) ozonizado e *Eugenia caryophyllata* (cravo) individualmente e combinados entre si, frente a 30 e 20 isolados clínicos de *P. insidiosum*, respectivamente, oriundo de equinos naturalmente infectados. Os testes de suscetibilidade basearam-se no método de microdiluição em caldo seguindo o protocolo M-38A2-CLSI e o inóculo foi preparado a partir de cultura micelial de *P. insidiosum*. Os testes de combinações foram avaliados pela técnica de *cherkerboard*. O óleo de *H. annus* L. e *E. caryophyllata* foram obtidos comercialmente e os componentes determinados pelo fabricante. As concentrações testadas variaram de 56 mg/mL a 0,00005 mg/mL para ambos os óleos. A leitura levou em consideração o crescimento ou não de hifas e a menor concentração capaz de inibir o crescimento de *P. insidiosum* foi identificada como a concentração inibitória mínima (CIM). As concentrações acima da CIM foram utilizadas para determinação da concentração fungicida mínima. Adicionalmente, calculou-se a CIM₅₀ (inibição de 50% dos isolados avaliados) e CIM₉₀ (inibição de 90% dos isolados). As combinações foram interpretadas de acordo com o Índice de Fração Inibitória Mínima (FICI). Os resultados para os testes isolados demonstraram que a CIM₅₀ e CIM₉₀ foram de 3,5 mg/mL e 28 mg/mL, respectivamente para *H. annus* L. e de 0,875 mg/mL e 7 mg/mL, respectivamente para *E. caryophyllata*. A combinação de ambos os óleos evidenciou sinergismo em 95% (19/20) dos isolados e indiferença em 5% (1/20). Os resultados obtidos sugerem que os óleos avaliados podem constituir-se numa terapia adicional ao tratamento da doença. No entanto, pesquisas são necessárias para verificar sua aplicabilidade em protocolos para o tratamento da pitiose clínica.

Palavras-chave: Oomiceto, óleo de girassol, óleo de cravo

Agência de fomento: CAPES

PRODUÇÃO, PURIFICAÇÃO PARCIAL E ESPECTRO DE AÇÃO DE UMA SUBSTÂNCIA ANTIMICROBIANA PRODUZIDA POR *BACILLUS* SP. SED 1.4 ISOLADO DE SEDIMENTO DE ÁREAS ÚMIDAS

Luciani Cavalini¹, Priscila Ribeiro Jankoski¹, Ana Paula Folmer Correa¹, Adriano Brandelli¹ e Amanda de Souza da Motta¹

E-mail: lucianicavalini@gmail.com

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Isolados de sedimento de áreas úmidas provenientes de um trabalho anterior foram submetidos ao teste de sobrecamada a fim de selecionar um microrganismo com atividade antimicrobiana. O isolado selecionado sed 1.4 foi identificado através do sequenciamento do gene 16S rRNA. O crescimento e produção da atividade antimicrobiana deste isolado foram avaliados a partir de um cultivo em caldo triptona soja, a 30°C por 48 horas em incubadora com agitação. Durante o período de incubação, alíquotas foram coletadas em intervalos de 3 horas em um total de 48 horas, e a cada ponto foram avaliadas a absorvância em 600 nm, Unidades Formadoras de Colônias (UFC/ml), Unidades Árbítrárias por mililitros (UA/ml) e o pH do sobrenadante bruto. Para purificação parcial, o sobrenadante bruto foi precipitado com sulfato de amônio a 60% de saturação. Esse sobrenadante foi eluído em uma coluna de cromatografia de gel filtração (Sephadex G-200) com tampão fosfato de sódio 10 mM pH 6,0. As frações que apresentaram atividade antimicrobiana foram reunidas e empregadas para as demais determinações. O espectro de ação foi realizado com suspensões dos microrganismos indicadores em solução salina 0,85% de acordo com a escala de MacFarland 0,5, semeadas em Agar Muller-Hinton, sendo empregadas a seguintes bactérias: *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Salmonella* sp., *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterobacter* sp., *Corynebacterium* sp., *Listeria* sp., *Enterococcus* sp., *Staphylococcus* sp. e *Candida* sp. Após foi aplicado 20 µl do sobrenadante bruto parcialmente purificado na cultura e estas incubadas nas temperaturas ótimas de cada microrganismo, por 24 horas. O isolado sed 1.4 foi identificado como *Bacillus* sp. sed 1.4. Na avaliação do crescimento deste microrganismo, observou-se que ele alcançou a fase estacionária com 12 horas de cultivo e a substância antimicrobiana apresentou a atividade máxima entre 12 e 30 horas de cultivo, com 200 UA/mL. O pH manteve-se 7 durante todo o período de incubação. *Bacillus* sp sed 1.4 produz uma substância que têm efeito contra *Listeria monocytogenes*, um importante patógeno de origem alimentar. Com base nas características identificadas até o momento, o isolado produz uma substância antimicrobiana com cinética de um metabólito secundário. Novos testes serão realizados, para a caracterização desta substância antimicrobiana.

Palavras-chave: Atividade antimicrobiana. Metabólito secundário. Purificação parcial. *Listeria monocytogenes*.

PRINCIPAIS AGENTES INFECCIOSOS E MARCADORES SOROLÓGICOS ENVOLVIDOS NO DESCARTE DE HEMOCOMPONENTES EM UM HEMOCENTRO EM BELÉM, PARÁ

João Marcos de Oliveira Macêdo^{1,2}, Camila Fonseca Barroso^{1,2}, Laiane Nazaré Silva do Nascimento^{1,2},
Line Alves Monteiro^{1,2}, Letícia Caroline da Cruz Paula^{1,2}, Renata Bezerra Hermes de Castro², Carlos
Eduardo de Melo Amara²

E-mail do autor: joaomarcos_@live.com

1 – Universidade do Estado do Pará (UEPA)

2 – Fundação Centro de Hemoterapia e Hematologia do Pará (HEMOPA)

A legislação vigente no Brasil determina que, a cada doação realizada, sejam realizados testes sorológicos para os seguintes agentes infecciosos: HIV 1 e 2, HTLV I/II, HCV, HBV, *T. Cruzi* e *T. Pallidum*, *Plasmodium* em áreas endêmicas de malária e CMV para pacientes imunossuprimidos. A transmissão de agentes infecciosos através da transfusão necessita que o doador tenha o agente circulante em seu sangue; que os testes de triagem sorológica não consigam detectá-lo e que o receptor seja susceptível. Visando a segurança transfusional e a qualidade dos hemocomponentes, resultados reagentes implicam no descarte dos hemocomponentes contaminados e o doador convocado para testes confirmatórios. Diante disso, este trabalho teve como objetivo identificar os principais agentes infecciosos e marcadores sorológicos envolvidos no descarte de hemocomponentes na Fundação HEMOPA, em Belém, Pará. Os dados estatísticos foram obtidos a partir dos sistemas informatizados utilizados no hemocentro, referentes ao período de Janeiro/2015 a Dezembro/2017 e mensurou-se a frequência relativa dos testes reagentes pelo número total de doações para cada ano. Durante os anos de 2015, 2016 e 2017, houve uma média de 64234 doações/ano e o marcador sorológico Anti-Hbc foi o maior responsável pelo descarte na Fundação Hemopa (0,76%), seguido pelo teste para sífilis (0,69%), HCV (0,25%), HIV (0,15%), HTLV (0,13%), HBsAg (0,08%) e Chagas (0,06%). No estudo de Saraiva (2011), os marcadores sorológicos da Hepatite B (Anti-HBc e HbsAg) e Sífilis aparecem como os mais prevalentes nos doadores de sangue em Santa Catarina (SC). O Boletim de Produção Hemoterápica (ANVISA), usado como parâmetro do perfil nacional de doadores de sangue, mostra, na seção do perfil de inaptidão sorológica, o marcador Anti-HBc consolidado ao longo dos anos como o principal parâmetro de inaptidão sorológica, seguido por Sífilis, conforme evidenciado em suas edições anteriores. É importante ressaltar que há uma tendência de ascensão na detecção de sífilis nos bancos de sangue, por conta da inclusão de testes treponêmicos na triagem. A indicação adequada do uso de sangue como terapia, somada ao uso de testes com elevada sensibilidade e especificidade na triagem sorológica e o comprometimento do doador, no que diz respeito ao fornecer suas informações clínicas com total veracidade, se mostram como boas medidas para minimizar o descarte dos componentes, bem como os riscos de soroconversão nos receptores de hemocomponentes.

Palavras-chave: Banco de sangue, agentes infecciosos, sorologia, segurança do sangue.

PCR Multiplex para determinação do perfil de proteínas Pht em isolados de *Streptococcus pneumoniae*

Tiago Fetzner^{*1}, Juliana Comerlato¹, Rafael de Oliveira Schneider¹, Mariana Preussler Mott¹, Gabriela Cunha¹, Grasiela Agnes², Pedro Alves D'Azevedo¹ e Cícero Armídio Gomes Dias¹.

*tiagoftz@gmail.com

Laboratório de Cocos Gram-positivos. Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA)

²Laboratório de Biologia Molecular Pós-graduação - UFCSPA

Streptococcus pneumoniae é o agente responsável por causar um amplo espectro de doenças, que globalmente resultam em mais de 1 milhão de mortes por ano, atingindo, principalmente, crianças menores de 5 anos. Durante o processo de colonização e infecção, *S. pneumoniae* é capaz de aderir-se ao epitélio do sistema respiratório por meio de proteínas de adesão, tais como a PhtA, PhtB, PhtD e PhtE, pertencentes à família *Polyhistidine triad* (Pht) e localizadas na superfície celular desse agente. Além da função de aderência, essas proteínas possuem função imunogênica e de ligação com fator H do sistema complemento. Tendo em vista a importância dessas proteínas e a potencial utilização dos referidos fatores de virulência em estudos envolvendo vacinas, o objetivo do presente estudo é desenvolver e padronizar uma reação em cadeia da polimerase (PCR) multiplex capaz de detectar as 4 Phts. Para desenvolvimento desta técnica, foram desenhados primers baseados em sequências depositadas no GenBank visando obter amplicons de tamanhos diferentes (PhtE: 425pb; PhtA: 356pb; PhtB: 235pb; PhtD: 143pb;). As ferramentas utilizadas para desenho dos primers foram Blast, [Geneious®](#) e Multiple Primer Analyzer. A reação de PCR foi realizada em volume final de 25 µl, nas seguintes condições: 10% tampão de buffer (200 mM Tris-ClH pH 8.4, 500 mM ClK), 0,75 µl Mg₂Cl 50 mM, 0,5 µl mix de dNTP 10 mM, 1 µl de cada par de primer a 10 µM, 0,2 µl Taq polymerase (QuatroG®). Para amplificação, as condições utilizadas no termociclador foram: 2 min a 94 °C, 35 ciclos de 45 s a 95 °C, 30 s a 55 °C, e 50 s a 72° C, com extensão final de 10 min a 72° C. A presença de amplicons foi avaliada por eletroforese em gel de agarose 2% com adição de brometo de etídio sob luz UV. Após a otimização, foi verificado que o protocolo permitiu a amplificação das Phts A, D e E, nas alturas corretas e em uma mesma reação. Para assegurarmos a especificidade das reações, os amplicons foram sequenciados e, por meio da análise dos sequenciamentos, confirmamos a especificidade para cada Pht. Novas tentativas usando diferentes concentrações dos primers para PhtB, assim como teste de gradiente de magnésio, estão sendo realizadas, a fim de possibilitar a amplificação das 4 sequências em conjunto.

Palavras-chave: *Streptococcus pneumoniae*; pcr multiplex; Pht.

Apoio financeiro: CAPES; CNPq; FAPERGS; PPSus.

DEVELOPMENT OF A METHOD FOR RAPID DETECTION OF *Klebsiella pneumoniae* CARBAPENEMASE (KPC) IN LIQUID CHROMATOGRAPHY – TANDEM MS (LC-MS/MS)

LOVISON, O. V. A.^{1,2}; BARRETO, F.³; RAU, R. B.^{1,2,3}; BARTH, A. L.^{1,2}; MARTINS, A. F.²

Corresponding address: otaviolovison@gmail.com

1 – Laboratório de Pesquisa em Resistência Bacteriana (LABRESIS)

2 – Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas da Universidade Federal do Rio Grande do Sul

3 – Laboratório Nacional Agropecuário no Rio Grande do Sul (LANAGRO/RS)

Carbapenem-resistant Enterobacteriales (CREs) carrying *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC) gene are widely disseminated and responsible for a large number of outbreaks around the world. Recently, a rapid MS method for the direct detection of tryptic peptides of the KPC protein was developed. We aimed to validate an LC-MS/MS method based on this, with minor adaptations to suit our equipment specifications. We already tested our method against a broader variety of isolates, including other high occurrence carbapenemases. A total of 102 isolates were selected from an epidemiological study evaluating Enterobacteriales with reduced susceptibility to carbapenems. Eight of these isolates (4 KPC-positive and 4 KPC-negative) were used for the method development phase and 94 isolates (including *BLA_{KPC}*, *BLA_{NDM}*, *BLA_{GES}*, *BLA_{VIM}*, *BLA_{IMP}* and *mcr-1*) were used for test validation phase. All bacterial isolates were grown on Mueller-hinton agar plates for 18-24 hr at 35°C and lysed with formic acid 70% (FA) and acetonitrile (ACN). The resulting solution was vortexed for 10 seconds and centrifuged at 13,000 rpm for 2 minutes. The identity of all isolates was confirmed by MALDI-TOF MS. Tryptic protein digestion was performed by evaporating the FA/ACN lysate in an incubator at 55°C, re-suspension in 100 µL of 50 mM of NH₄HCO₃ and vortexed for 15 minutes. Protein digestion were carried out in an incubator for 30 minutes at 55°C with addition of 1 µg of Trypsin. Digested extracts were vortexed for 15 seconds, centrifuged for 4 minutes at 13,000 rpm, transferred to a vial with fixed insert and submitted to LC-MS/MS analysis. We tested 4 *bla_{KPC}* positive isolates and 4 *bla_{KPC}* negative isolates to set retention time, reproducibility, background signals, carryover effect, interfering peaks and peptide stability. For validation, we performed a set with 102 isolates randomly interleaved. Two expert operators were designated to interpret resulting spectra prior to unblinding the isolates identity. All isolates were correctly classified as KPC-positive or KPC-negative, demonstrating 100% sensitivity and specificity. With this approach we demonstrate the robustness of this method and its applicability in a clinical microbiology laboratory. The development and validation of this LC-MS/MS method should be broadly applicable to detect other resistance determinants.

Keywords: LC-MS/MS; KPC; carbapenemases;

Financial support: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); FIPE/HCPA;

ATIVIDADE ANTIFÚNGICA DE ANÁLOGOS DE ÁCIDO UNDECILÊNICO SOBRE ESPÉCIES DE *Candida*.

Nailí M. da Silva¹, Marcela Lopes¹, Paula Reginatto¹, Saulo F. Andrade¹, Alexandre M. Fuentefria¹

nailims@hotmail.com

1 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A candidíase é uma doença de importância clínica e mundial, devido a sua morbidade, mortalidade e dificuldades no tratamento. Essa enfermidade pode manifestar-se de diferentes formas, desde a mais invasiva, levando pacientes à óbito, até micoses superficiais, como infecções de pele e unha. Embora a candidíase superficial apresente poucos riscos à saúde de pacientes imunocompetentes, sua recorrência afeta a qualidade de vida desses indivíduos. Nesse contexto, o uso de produtos com atividade antifúngica, como o ácido undecilênico, podem ser utilizados como tratamento de escolha. O ácido undecilênico é reconhecido por atuar inibindo a formação de pseudo-hifas em espécies de *Candida*, impedindo que a levedura consiga desenvolver-se. No entanto, problemas como penetração das composições na lâmina ungueal, absorção intestinal e comorbidades ainda são observados nos pacientes acometidos. Dessa forma, cabe a procura e a síntese por novos análogos com potencial antifúngico. O objetivo desse estudo foi sintetizar análogos do ácido undecilênico e determinar a atividade antifúngica dos compostos sobre espécies de *Candida*. Os análogos do ácido undecilênico foram sintetizados a partir de 3-hidroxibenzaldeído em três etapas e caracterizados por RMN. Dos cinco produtos obtidos dois foram selecionados e tiveram suas atividades antifúngicas avaliadas a partir de teste de suscetibilidade pela determinação da Concentração Inibitória Mínima (CIM) sobre espécies de *C. tropicalis* e *C. krusei*. Os compostos foram obtidos com rendimento na faixa de 17% a 95%. Apesar da literatura apresentar o ácido undecilênico como uma opção efetiva no tratamento de micoses superficiais, os testes de suscetibilidade realizados foram de encontro a tal informação. Ambas moléculas testadas apresentaram CIM's elevados nos ensaios. Embora as moléculas sintetizadas caracterizassem novos produtos com promissora ação antifúngica, esse efeito não foi verificado. De acordo com estudos já publicados, a ação antimicrobiana de análogos do ácido undecilênico também é observada em fungos filamentosos, sendo estes um novo alvo para posteriores testes com as moléculas já trabalhadas. Ainda, possíveis testes de sinergismo podem levar a resultados positivos, uma vez que a busca por novos fármacos ou novas associações se fazem necessárias perante o desenvolvimento de resistências adquiridas pelos micro-organismos e devido aos efeitos nocivos de fármacos disponíveis no mercado.

Palavras-chave: candidíase, síntese, tratamento, atividade antifúngica, *Candida*.

IDENTIFICAÇÃO DE *Escherichia coli* UROPATOGÊNICA ATÍPICA EM URINA DE CÃO COM HIPERADRENOCORTICISMO.

Jéssica Goulart da Rocha¹, Camila Imperico Riboldi¹, Letícia Machado², Alan Gomes Pöppl², Tatiana Vieira², Franciele Maboni Siqueira¹

jessicagoulart@gmail.com

- 1- Laboratório de Bacteriologia Veterinária (LaBacVet). Faculdade de Medicina Veterinária (FAVET). Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)
- 2- Hospital de Clínicas Veterinárias. FAVET. UFRGS.

Escherichia coli é a espécie mais prevalente nas infecções do trato urinário dos animais domésticos e humanos. A espécie é caracterizada pela capacidade fermentadora de lactose, utilizada para diferenciá-la de outras espécies do gênero. Raramente são não fermentadoras de lactose, sendo chamadas, nesse caso, de *E. coli* atípicas. O objetivo do estudo foi identificar a espécie de *Escherichia* não fermentadora de lactose encontrada em amostras de urina de cão, relatar sua ocorrência causando cistite recorrente no animal e descrever seu perfil fenotípico e de susceptibilidade antimicrobiana. Quatro amostras de urina foram obtidas com intervalo de quatro semanas entre cada coleta de um cão diagnosticado com hiperadrenocorticismos. As urinas foram inoculadas em ágar sangue ovino 5% e ágar MacConkey. Em ágar sangue cresceram colônias pequenas, cinzas, brilhosas e hemolíticas, com exceção de uma amostra não hemolítica. No MacConkey, observaram-se colônias não fermentadoras de lactose. Após, foram realizados os testes de SIM e Citrato de Simmons onde todos os isolados foram negativos para a utilização do citrato e para a produção de H₂S, positivos para indol, três eram imóveis e um isolado móvel. Foi avaliada a capacidade fermentativa nos açúcares adonitol, dulcitol e D-sorbitol onde todos apresentaram resultado negativo diferente do controle positivo (*E. coli* típica) que fermentou dulcitol e sorbitol. Por esse motivo, os isolados foram submetidos à PCR para identificação molecular de *Escherichia albertii* (espécie não fermentadora de lactose), porém os resultados foram negativos. Posteriormente, os isolados foram identificados em Maldi-Tof como *E. coli*. Assim, foi realizada PCR para identificação dos genes *usp* e *papA*, marcadores de *E. coli* uropatogênicas, sendo os genes detectados em todos os isolados. O perfil de susceptibilidade aos antimicrobianos foi analisado por teste de disco difusão onde todos os isolados se mostraram resistentes à doxiciclina, cotrimoxazol, clindamicina, penicilina e ampicilina. Os resultados mostram a importância do diagnóstico preciso para auxiliar no sucesso do tratamento aos pacientes visto que as *E. coli* atípicas do caso de cistite do presente estudo apresentam um perfil de resistência a diversas drogas e não são responsivas ao tratamento, visto o caráter de recorrência observado. É importante salientar que essa é a primeira identificação em cães de *E. coli* uropatogênica atípica como causa de infecção recorrente do trato urinário.

Palavras-chave: *Escherichia coli* atípica, UPEC atípica, cistite, perfil fenotípico, identificação molecular

Agentes antifúngicos no tratamento *in vitro* de infecções por biofilmes de *Candida* spp. em cateter venoso central

Paula Reginatto¹, Saulo Fernandes de Andrade^{1,2}, Alexandre Meneghello Fuentefria^{1,2}

E-mail: paula.reginatto@hotmail.com

¹Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil.

A terceira principal causa de infecções relacionadas a cateteres são os fungos. Dispositivos médicos, como cateteres, demonstraram apoiar a colonização e a formação de biofilmes persistentes por *Candida* spp., associados ao aumento do desfecho de fatalidade dos pacientes. O alto nível de resistência, juntamente com o fato de não existirem terapias específicas, novas alternativas se fazem necessárias, como o uso da terapia combinada. Dessa forma, nosso objetivo foi avaliar *in vitro* a atividade de agentes antifúngicos bem como a associação dos mesmos em relação a sua eficácia sobre biofilmes formados em cateteres. Verificou-se o percentual de eficácia da anidulafungina (AND) (0,5 µg/mL), anfotericina B (AMB) (2,5 µg/mL), da associação de ambas (AND/AMB) (0,5/2,5 µg/mL) e fluconazol (FLC) (256 µg/mL) na inibição da formação e na erradicação dos biofilmes. Foi utilizado um isolado de cada espécie, *Candida albicans* (CA CV42), *C. tropicalis* (CT 72 A) e *C. parapsilosis* (CP RL 27m), sobre amostras de cateter venoso central de poliuretano através da contagem de unidades formadoras de colônia por cm² da superfície do material. De modo geral, os agentes antifúngicos apresentaram maior eficácia na erradicação dos biofilmes em relação à inibição da formação dos mesmos. No entanto, quando comparada a eficácia dos agentes antifúngicos usados de maneira isolada e em associação, a atividade sinérgica da associação, bem como sua maior eficácia, se tornam mais evidentes nos resultados da avaliação da inibição da formação dos biofilmes. Enfim, a atividade da associação da anidulafungina e anfotericina B demonstrou sinergismo. Mesmo que não tenha apresentado atividade de 100%, demonstrou atividade superior a 90% e com menor variabilidade entre os isolados, destacando-se dos demais. Dessa forma, podemos inferir que essa associação é uma boa alternativa no tratamento de infecções relacionadas ao biofilme em cateter.

Palavras-chave: *Candida* spp., biofilme, cateter, associação.

IDENTIFICAÇÃO E PERFIL DE SUSCETIBILIDADE DE COCOS GRAM-POSITIVOS EM DERMATOSCÓPIOS E ADAPTADORES PARA SMARTPHONE – RESULTADOS PRELIMINARES.

BUGS, R.C.F.¹, QUADROS, M. de.¹, ROSSATO, A. M.¹, ROCHA, L. da L.¹, SOARES, R. O.¹, d'AZEVEDO, P. A.¹

Bugs.roberto@gmail.com

1 – Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA).

A dermatoscopia é um exame rápido, não invasivo, capaz de fornecer informações para o diagnóstico dermatológico de nevus melanocíticos e melanoma. Os dermatoscópios podem ser acoplados aos smartphones, por adaptadores, permitindo, que seja realizado o registro fotográfico de lesões com potencial risco de câncer de pele. Há poucos estudos avaliando a colonização bacteriana e seu perfil de suscetibilidade em dermatoscópios e adaptadores de smartphones. Nesse sentido, o objetivo desse estudo foi avaliar a presença e o perfil de suscetibilidade dos cocos gram-positivos em dermatoscópios e adaptadores de smartphones de médicos dermatologistas de Porto Alegre. Foi realizada a coleta da lente do dermatoscópio, do botão liga/desliga e do adaptador para *smartphone* (para aqueles que possuíam este aparelho), com *swab* estéril umedecido em soro fisiológico. As amostras foram inoculadas em caldo BHI a 35-37 °C por 24 horas e após isso, as que apresentaram crescimento bacteriano foram semeadas em ágar sangue de carneiro 5% por esgotamento e incubadas a 35-37 °C por 24 horas sob anaerobiose. A identificação dos micro-organismos foi realizada pelo equipamento MALDI-TOF. Após ser realizada a identificação bacteriana, foi feito o teste de Kirby & Bauer de inibição por disco-difusão, com o inóculo ajustado em soro fisiológico 0,9% para uma concentração de 0,5 na escala de Mc Farland, correspondendo a $1,5 \times 10^8$ unidades formadoras de colônias por mL. A análise estatística foi realizada pelo programa de estatístico PSPP, em que as variáveis categóricas foram expressas em frequência. Cento e dezoito dermatologistas participaram do estudo, em que foram coletados 265 *swabs*, havendo crescimento em 41,89% das amostras. Dentre os principais cocos gram-positivos identificados, 66% correspondiam a *Staphylococcus epidermidis*, 11% *Staphylococcus hominis*, 9% *Staphylococcus warneri*, 4% *Staphylococcus haemolyticus* e 2% *Staphylococcus aureus*. Foram realizados testes de inibição por disco-difusão para 97 amostras, em que 66% apresentaram resistência à eritromicina, 60% à penicilina, 33% à sulfametazol + trimetropim, 28% à clindamicina, 13% à tetraciclina, 5% à gentamicina, 4% à cefoxitina, 4% à levofloxacina, 3% à rifampicina e 2% à linezolida. O perfil de suscetibilidade dos *Staphylococcus coagulase negativa* apresentaram uma baixa resistência a cefoxitina e linezolida e uma alta taxa de resistência a eritromicina, penicilina e sulfametazol + trimetropim.

Palavras-chave: Dermatoscópio, Cocos Gram-Positivos, MALDI-TOF, Perfil Suscetibilidade.

Agência de fomento: CNPq e FAPERGS

RELAÇÃO DA MICROBIOTA INTESTINAL DE RATOS E TNF- α EM MODELO CRÔNICO DE EPILEPSIA

Amanda Muliterno Domingues Lourenço de Lima^{1,2}, Edson Fernando Müller Guzzo³, Gabriel de Lima Rosa⁴, Rafael Bremm⁴, Milena Conci de Araujo⁵, Adriana Simon Coitinho^{2,3}, Sueli Teresinha Van Der Sand^{1,2}

amanda.domingues@ufrgs.br

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

2 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia

3 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Programa de Pós-Graduação em Farmacologia e Terapêutica

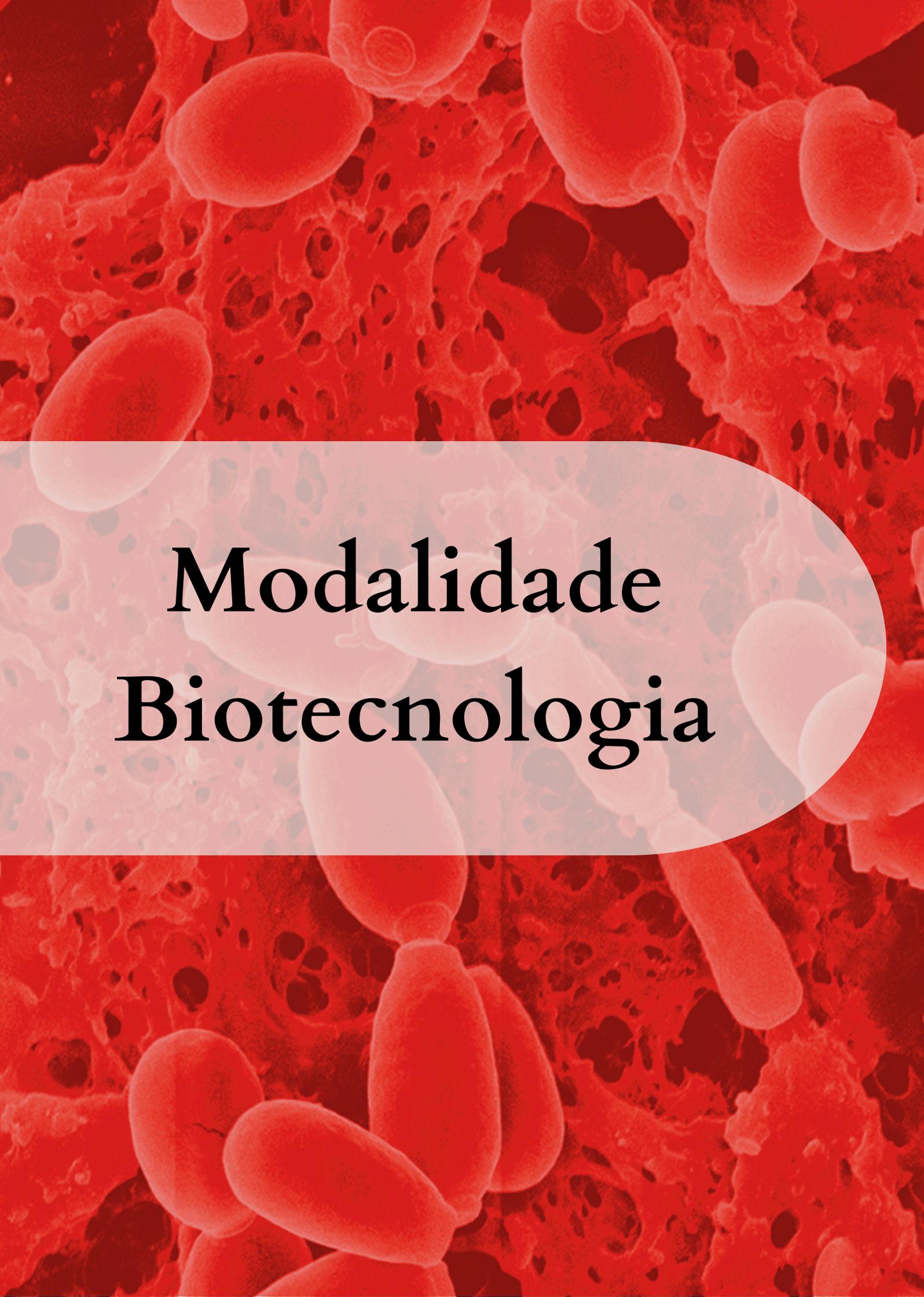
4 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Biomedicina

5 – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Instituto de Biociências, Ciências Biológicas

O sistema gastrointestinal humano é colonizado por cerca de 100 trilhões de microrganismos que contribuem para a manutenção do sistema fisiológico, maturação e regulação do sistema imunológico, além do desenvolvimento, função e comportamento do cérebro através da comunicação do eixo intestino-cérebro. Um número crescente de estudos destaca a relação da alteração da população da microbiota intestinal com a patogênese de uma série de doenças. Algumas evidências demonstram a relação da microbiota intestinal com a epilepsia. A epilepsia é um distúrbio neurológico caracterizado por convulsões espontâneas e recorrentes que afeta 1 a 2% da população mundial. Até o momento, não há cura para a doença e uma porcentagem significativa dos pacientes é refratária aos tratamentos anticonvulsivantes convencionais. Por este motivo, surge a necessidade de investigação de novos tratamentos, como a utilização de prednisolona, um corticóide esteroidal com conhecida ação anti-inflamatória. O objetivo deste trabalho foi comparar a população da microbiota intestinal com a citocina pró-inflamatória TNF- α tecidual do intestino de ratos submetidos ao modelo crônico de convulsão e tratados com prednisolona. Ratos Wistar machos com 60 dias foram divididos em quatro grupos com seis animais. Em cada grupo foram administradas solução de cloreto de sódio (0,9 g%) no controle negativo, diazepam (2 mg/Kg) no controle positivo e doses de prednisolona (1 e 5 mg/Kg) via intraperitoneal, durante 14 dias. Para a indução do modelo crônico de convulsão, foram administradas doses subconvulsivantes de pentilenotetrazol (25 mg/Kg) via intraperitoneal 30 minutos após a administração dos tratamentos em dias alternados. Após o último dia de tratamento, os ratos foram eutanaziados e as amostras de intestino coletadas. Para a análise da população microbiana foi realizada a extração do DNA com isopropanol, amplificação da região V4 do gene 16S rDNA. O produto da amplificação foi resolvido por eletroforese em gel de gradiente desnaturante (DGGE). O TNF- α das amostras teciduais de intestino foram quantificadas por ELISA. A análise preliminar dos resultados indica uma redução da diversidade da população da microbiota intestinal em ratos do grupo controle negativo e aumento da concentração de TNF- α no tratamento com prednisolona (1 mg/kg). Como perspectivas futuras, será realizado o sequenciamento de nova geração das amostras através do sistema *Illumina*.

Palavras-chave: microbiota, epilepsia, inflamação

Agência de fomento: PROPESQ/UFRGS

The image features a background of a microscopic view of cells, likely yeast or bacteria, with a strong red color overlay. A white, semi-transparent oval is positioned in the center, containing the text 'Modalidade Biotecnologia' in a black, serif font. The cells are shown in various stages of division and are interconnected by a network of filaments.

Modalidade Biotecnologia

ANÁLISE DE METABARCODE PARA CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE DE MEIOFAUNA NO BIOMA MATA ATLÂNTICA

Carla Aristonara Müller¹, Leandro de Mattos Pereira², Carina Lopes³, Juvenil Cares³, Luiz Gustavo dos Anjos Borges⁴, Adriana Giongo⁴, Carlos Graeff-Teixeira², Alessandra Loureiro Morassutti^{2,4}

(carla.amuller@gmail.com)

- 1 - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Programa de Pós-Graduação em Ciências do Solo
- 2 - Pontifícia Universidade do Rio Grande do Sul, Faculdade de Biociências
- 3 - Universidade Brasília, Departamento de Fitopatologia
- 4 - Instituto do Petróleo e Recursos Naturais, PUCRS, Laboratório de Geobiologia

O conhecimento distribuição das espécies ocorrentes em determinada área, pode contribuir em estudos sobre a ecologia e funcionamento do solo, incluindo a dinâmica de população e controle biológico. Este trabalho teve como objetivo descrever as comunidades eucarióticas que habitam o solo de uma área inexplorada em uma floresta nativa da Mata Atlântica no sul do Brasil localizada no Centro de Pesquisas e Conservação da Natureza PRÓ-MATA-RS, utilizando sequenciamento de alto desempenho. Um total de 281.400 sequências das regiões hipervariáveis V4 e V9 do gene 18S rRNA foram obtidas. Opisthokonta foi o supergrupo mais abundante, seguido de Fungos e Metazoa o qual representaram uma média de 40,6% e 15,8% das sequências, respectivamente. O Filo Nematoda foi o segundo mais abundante entre os metazoários (4,8%). O isolamento e a identificação morfológica desse filo resultaram em 1.745 espécimes, os quais foram classificados por hábitos alimentares, sendo eles parasitos de plantas (35%), bacterívoros (30%), omnívoros (7%) e predadores (5%). Os espécimes foram classificados como pertencentes à classe Chromadorea (89,6%) e Enoplea (10,4%), e aproximadamente 65% foram identificados taxonomicamente a nível de ordem. Os achados desse trabalho apontam um considerável número de nematódeos pertencentes a biota do bioma Mata Atlântica ainda não identificados. Além disso, este estudo mostra que a combinação do sequenciamento de alto rendimento e a identificação morfológica podem fornecer uma caracterização extensiva e indicações complementares da diversidade de nematódeos em amostras de solo. Os mesmos podem ter um impacto positivo na pesquisa básica para melhor compreensão da ecologia do solo e outras possíveis intervenções sobre a biorremediação.

Palavras-chave: Nematódeos; identificação morfológica; Opisthokonta; 18s rRNA

Agência de fomento: CNPq

CAPACIDADE ANTIOXIDANTE DE HIDROLISADOS DE PROTEÍNA ISOLADA DE SOJA PRODUZIDOS POR CATÁLISE ENZIMÁTICA

Andréia Monique Lermen¹, Naiara Jacinta Clerici¹, Laís Andressa Finkler¹, Kelly Callegaro¹, Daniel Joner Daroit¹

(djdaroit@gmail.com)

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

A proteína isolada de soja (PIS), além do valor nutricional, é empregada na modulação de propriedades funcionais em alimentos. A hidrólise de proteínas vem recebendo atenção pois os hidrolisados obtidos podem apresentar bioatividades. *Bacillus* sp. CL 18 é capaz de degradar penas através da produção de proteases extracelulares, que são facilmente recuperáveis após cultivos submersos. Objetivou-se verificar o potencial antioxidante de hidrolisados de PIS (HPIS) produzidos pela ação de protease bruta de *Bacillus* sp. CL18. Para a produção de proteases, cultivos da bactéria foram realizados a 30 °C, 125 rpm, por 5 dias, em caldo pena, composto por (g/L) K₂HPO₄ (0,3); KH₂PO₄ (0,4); NaCl (0,5), NH₄Cl (1,1), peptona (1,1) e penas de frango (30). Os cultivos foram centrifugados e os sobrenadantes usados como protease bruta para a hidrólise da PIS. Para tanto, suspensões de PIS, nas concentrações de 5 g/L (HPIS5) e 10 g/L (HPIS10) foram preparadas em tampão Tris-HCl (0,1 M; pH 8,0) e pré-incubadas (50 °C; 10 min). A hidrólise foi iniciada pela adição da protease bruta (4% v/v; 885 U/mL) e realizada a 50 °C por 0-6 h (t₀-t₆), sendo encerrada através de aquecimento (100 °C; 15 min). Após centrifugação, os sobrenadantes corresponderam aos HPIS, que foram avaliados quanto à concentração de proteínas solúveis e mensuração da atividade antioxidante através do teste de poder redutor (A₇₀₀) e da captura dos radicais 2,2-difenil-1-picrilhidrazil (DPPH) e 2,2'-azinobis-(3-etilbenzotiazolina-6-ácido sulfônico) (ABTS). A concentração inicial de proteínas solúveis nos HPIS5 (2,1 mg/mL) e HPIS10 (2,3 mg/mL) foi incrementada durante a hidrólise, atingindo 4,1 e 6,1 mg/mL após 6 h, respectivamente. A captura do radical ABTS pelos HPIS5 foi elevada de 17,2% (t₀) para 32,0% (t₁) e 43,1% (t₅). A capacidade de captura de DPPH em t₀ (4,7%) foi elevada para 13,3% em t₅, e o poder redutor praticamente não sofreu variações, com valores de 0,02 (t₀) a 0,08 A₇₀₀ (t₆). A captura do radical ABTS pelos HPIS10 foi aumentada de 24,5% (t₀) para 36,2% (t₁) e 54,5% (t₅); a capacidade de captura de DPPH sofreu variações durante a hidrólise, partindo de 23,3% (t₀) e com pico de captura (43,2%) observado em t₄. O poder redutor foi incrementado de 0,10 (t₀) para 0,27 A₇₀₀ (t₆). A protease bruta produzida pela bactéria queratinolítica *Bacillus* sp. CL18 pode ser empregada como biocatalisador visando a hidrólise de PIS, resultando em hidrolisados com potencial antioxidante superior à proteína original.

Palavras-chave: proteínas alimentares; protease; hidrólise; biocatálise; bioatividade.

Agência de fomento: CNPq (Auxílio financeiro e Bolsa de Iniciação Científica) e FAPERGS (Bolsa de Iniciação Científica)

POTENCIAL DE RESÍDUOS AGROINDUSTRIAIS DA UVA (*Vitis vinifera* e *Vitis labrusca*) COMO FONTE DE COMPOSTOS ANTIBIOFILME

Fernanda Cristina Possamai Rossatto¹, Aline Rigon Zimmer², Pedro Alves d'Azevedo¹, Karine Rigon Zimmer¹

(fernandapr@ufcspa.edu.br)

1 – Laboratório de Microbiologia, Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA), Rua Sarmento Leite, 245, Porto Alegre/RS

2 – Faculdade de Farmácia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Avenida Ipiranga, 2752, Porto Alegre/RS

Biofilmes representam uma estratégia de virulência na qual comunidades microbianas encontram-se aderidas a uma matriz polimérica extracelular, que as protege da exposição aos antimicrobianos e ao sistema imune. Estima-se que cerca de 80% das infecções humanas estejam relacionadas com microrganismos estabelecidos na forma de biofilme, sendo que estes se apresentam de 10 a 1000 vezes mais resistentes aos antimicrobianos. A busca por possíveis compostos com atividade antibiofilme constitui uma alternativa frente à terapia antimicrobiana convencional, visando desarmar o agente patogênico, tornando-o mais suscetível à ação antibiótica. O objetivo deste estudo foi avaliar o potencial antibiofilme de extratos provenientes do resíduo do processamento da uva contra microrganismos de importância hospitalar e industrial. Foram obtidos as bagas e os resíduos do processamento da uva branca Chardonnay (*Vitis vinifera*) e das uvas tintas Cabernet Franc (*Vitis vinifera*) e Bordô (*Vitis labrusca*) de uma vinícola localizada na região de Bento Gonçalves, Rio Grande do Sul, proveniente da safra de 2018. A metodologia de extração assistida por ultrassom foi empregada utilizando três solventes de polaridades crescentes: diclorometano (CH₂Cl₂), butanol (BuOH) e água (H₂O). As cepas bacterianas ATCC de *Staphylococcus aureus* 6538, *Staphylococcus epidermidis* 35984, *Klebsiella pneumoniae* 70603, *Pseudomonas aeruginosa* 27853 e PA14 foram submetidas ao tratamento com os extratos brutos na concentração de 5 mg/mL para os ensaios de avaliação do crescimento bacteriano, inibição da formação de biofilme e erradicação de biofilme pela metodologia do cristal violeta. A maioria dos tratamentos apresentou atividade frente aos cocos Gram-positivos e à *K. pneumoniae* para os três solventes testados quanto à atividade inibitória, entretanto não foi encontrada atividade erradicatória. Dentre os com atividade, aqueles extraídos com diclorometano demonstraram maior redução na formação de biofilme, por exemplo, na faixa de 16 a 29% de formação para *S. aureus*, sem inibir o crescimento para a maioria dos tratamentos. Muitos tratamentos foram capazes de inibir o biofilme em um espectro superior ao antibiótico testado como controle positivo. Não houve atividade antibiofilme dos extratos em *P. aeruginosa* 27853. Tem-se como perspectiva a purificação dos extratos com vistas à elucidação estrutural dos compostos bioativos e avaliação do efeito antivirulência em modelo *in vivo* invertebrado.

Palavras-chave: resíduo agroindustrial; atividade antibiofilme; antivirulência; uva.

CONVERSÃO DE GLICEROL RESIDUAL EM BIOPRODUTOS DE VALOR AGREGADO EM BIORREATOR CONTÍNUO DE LEITO FLUIDIZADO POR *Klebsiella pneumoniae* BLh-1 IMOBILIZADA EM PVA

Ana Paula Klaus Damasceno¹, Milena Toillier dos Santos¹, Daniele Misturini Rossi¹, Marco Antônio Zachia Ayub¹

(ana-damasceno@hotmail.com)

1 - Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS; Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente ou Departamento de Engenharia Química.

Na indústria de biodiesel, além do produto principal há também a formação de subprodutos, sendo um destes o glicerol residual que é gerado em grandes quantidades. Atualmente sabe-se que o glicerol possui um grande potencial para utilização em bioprocessos gerando, por exemplo, 1,3-Propanodiol (1,3-PD) e 2,3-Butanodiol (2,3-BD), além de outros produtos como etanol e ácido lático. Este trabalho tem como objetivo a conversão de glicerol residual em produtos de valor agregado utilizando a bactéria *Klebsiella pneumoniae* BLh-1 imobilizada em *Lentikat*®, cultivada em biorreator contínuo de leito fluidizado. As células de *Klebsiella pneumoniae* BLh-1 foram imobilizadas pela técnica de envolvimento em matrizes porosas, onde a tecnologia patenteada de imobilização celular em hidrogel de álcool polivinílico (PVA), *Lentikat*® foi empregada. Foram utilizados biorreatores de coluna *plug flow* de 150 mL de volume, operados com diferentes vazões de alimentação e saída, que correspondem às taxas de diluição de 0,1 h⁻¹ e 0,2 h⁻¹. O pH (7,0) e as vazões de entrada e saída foram controladas na unidade de controle do biorreator e a temperatura (37°C) foi controlada por um Banho Maria, o qual recirculou água na temperatura controlada através da camisa dos reatores. Para a fluidização foi adicionada uma vazão de reciclo de aproximadamente 200 mL.min⁻¹. As concentrações de glicerol e dos bioprodutos foram monitoradas por cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC) com detector de índice refrativo RID-10^a e uma coluna *Aminex* HPX-87H (300 x 7,8 mm), utilizando ácido sulfúrico 0,005 mol.L⁻¹ como fase móvel e vazão de 0,8 mL.min⁻¹ a 65 °C. Os produtos gerados em maiores concentrações foram 1,3-PD, Ácido Lático e Etanol para as duas taxas de diluição testadas. Para a taxa de diluição 0,1 h⁻¹ a produção (g.L⁻¹) foi de 14,27± 1,27; 8,04± 1,49 e 9,48± 0,99; o rendimento (Y_{p/s}) foi de 0,29; 0,16 e 0,19 e a produtividade (g.L⁻¹.h⁻¹) foi de 1,43; 0,8 e 0,95, respectivamente. Para a taxa de diluição 0,2 h⁻¹ a produção (g.L⁻¹) foi de 16,53± 1,03; 10,74± 0,41; 7,60± 0,63; o rendimento (Y_{p/s}) 0,39; 0,26 e 0,18 e a produtividade (g.L⁻¹.h⁻¹) foi de 3,31; 2,15 e 1,54, respectivamente. Os resultados mostraram-se promissores, com a possibilidade de otimizar esse processo para um processo industrial e testar taxas de diluição maiores, até a velocidade máxima de crescimento do microrganismo, obtendo assim resultados mais promissores com relação aos bioprodutos formados.

Palavras-chave: *Lentikat*, Reator Contínuo, Leito Fluidizado, Glicerol residual, *Klebsiella pneumoniae* BLh-1

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

***Mycoplasma hyopneumoniae* INFECTION INDUCES AN ANTIOXIDANT RESPONSE AND DECREASES THE EXPRESSION OF CILIARY GENES IN SWINE CELLS**

Scheila G. Mucha¹, Mariana G. Ferrarini¹, Carol C. Moraga^{2,3}, Marie-France Sagot^{2,3}, Arnaldo Zaha¹.

(scheila.mucha@gmail.com)

1 – Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil

2 – ERABLE, Inria, Lyon, France

3 – LBBE, UCBL, Lyon, France

Mycoplasma hyopneumoniae is the agent of swine enzootic pneumonia, an economically devastating disease in the pig farming industry. This bacterium attaches to the cilia of the tracheal epithelial cells, resulting in ciliostasis and cell death, which predisposes the host to infections by secondary pathogens. However, besides adhesion mechanisms, little is known about the relationship of *M. hyopneumoniae* with the swine host. To improve our understanding on this interaction, we infected swine epithelial cells (NPTr cell line) with *M. hyopneumoniae* to identify the effects of the infection on the expression of swine genes and miRNAs. In addition, we identified miRNAs differentially expressed (DE) in the extracellular milieu and in exosomes released by infected cells. Two methods were used to analyze the differential expression (EdgeR and DESeq2) and a total of 1,283 genes and 170 miRNAs were identified as DE post-infection ($p < 0.05$). We identified the up-regulation of several genes related to redox homeostasis and antioxidant defense, most of them putatively regulated by the transcription factor NRF2 (nuclear factor erythroid 2-related factor 2). NRF2 regulates the expression of cytoprotective genes in response to oxidative stress by recognizing and binding to antioxidant response element (ARE) motifs in the promoter region of target genes, activating their transcription. We were able to detect at least one conserved ARE sequence upstream the start codon in all NRF2 putative targets analyzed. Hydrogen peroxide produced by *M. hyopneumoniae* during infection might be one of the triggers that led to activation of NRF2. Down-regulated genes were enriched in cytoskeleton and ciliary function. Several of these genes are related to ciliary beating, which could partially explain *M. hyopneumoniae* induced ciliostasis. Our predictions showed that DE miRNAs could be regulating the aforementioned specific functions, since we detected down-regulation of miRNAs predicted to target antioxidant genes and up-regulation of miRNAs targeting ciliary and cytoskeleton genes. Interestingly, most down-regulated miRNAs were found in exosomes, reinforcing the role of these vesicles in cell communication. Based on these observations, *M. hyopneumoniae* seems to elicit an antioxidant response induced by NRF2 in the infected cells; in addition, we propose that ciliostasis caused by this pathogen might be related to down-regulation of ciliary genes.

Palavras-chave: *M. hyopneumoniae*, differential expression, NRF2, ciliostasis.

Agência de fomento: CAPES, CAPES-COFECUB 782/13.

PRODUÇÃO DE LIPÍDEOS POR LEVEDURAS DO GÊNERO *Saccharomyces* spp.

Hélen Caroline Zonta Abilhôa¹, Cláudia Eugênia Castro Bravo¹, Ivane Benedetti Toniai¹

(helen-abilhoa@hotmail.com)

1 – Universidade Tecnológica Federal do Paraná UTFPR – *Câmpus* Francisco Beltrão

Dentre as técnicas ou alternativas em ascensão capazes de minimizar problemas ambientais, o uso de combustíveis derivados da biomassa microbiana tem sido apontado como uma alternativa promissora. Entre os microrganismos utilizados, destacam-se as leveduras, pois estas possuem alto potencial biotecnológico em acumular lipídeos. Os lipídeos de origem microbiana assemelham-se aos óleos vegetais, portanto servem como alternativa à produção de biocombustíveis. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi verificar a produção de lipídeos e determinar o percentual de lipídeos presentes na biomassa das espécies de leveduras *Saccharomyces cerevisiae* residual de indústria cervejeira e *Saccharomyces boulardii* (Repoflor®, Legrand). Para otimização na produção de biomassa de *S. boulardii* utilizou-se um planejamento experimental fatorial $2^{(4-0)}$ e aplicou-se um delineamento central composto rotacional 2^2 . O rendimento da produção de biomassa de *S. boulardii* fora determinado por gravimetria. Conforme o planejamento experimental proposto e baseando-se nos resultados experimentais, concluiu-se que o ensaio experimental 6 de delineamento central composto rotacional 2^2 apresentou a melhor condição para a produção de biomassa de *S. boulardii*. Este experimento foi constituído por 34,14% de glicose e 0,20% de sulfato de amônio. Para Determinação do acúmulo de lipídeos de ambas as leveduras utilizou-se o método desenvolvido por Bligh e Dyer (1959). Como a levedura *S. cerevisiae* não necessitava de crescimento/cultivo por ser residual de cervejaria, esta fora apenas lavada e centrifugada para retirar o excesso de álcool proveniente do processo de fermentação alcoólica da produção da cerveja. O potencial de acúmulo de lipídeos das leveduras *S. cerevisiae* e *S. boulardii* foi diferente, posto que, esta última apresentou produção de biomassa de 15,60 g.L⁻¹ e acúmulo de 55 % de lipídeos, já a levedura *S. cerevisiae* apresentou acúmulo de 11% de lipídeos. Desta forma, observa-se o grande potencial da biomassa microbiana oriunda de *S. boulardii*, no diz respeito a produção de biocombustíveis, já que as leveduras oleaginosas possuem o poder de acumular lipídeos e possuem capacidade de produzir ácidos graxos similares aos dos óleos vegetais.

Palavras-chave: Biomassa, lipídeos, leveduras, *Saccharomyces*, biocombustíveis.

PRODUÇÃO DE AMILASES PELO FUNGO *Aspergillus* sp. M2.3

Gessica Oliveira Marinho¹, Izabela Nascimento Silva², Vivian Machado Benassi²

(gessicaomarinho@gmail.com)

1-Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Programa de Pós-graduação em Biocombustíveis, Diamantina, Minas Gerais, Brasil.

2-Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Instituto de Engenharia, Ciência e Tecnologia, Janaúba, Minas Gerais, Brasil

O uso crescente de produtos com potencial biotecnológico levou a procura por fontes mais ricas de catalisadores biológicos úteis para aplicação industrial. Os fungos filamentosos destacam-se como produtores dessas moléculas, pois são microrganismos capazes de produzir e secretar enzimas no meio, bem como pela sua capacidade de produção em larga escala. Um dos tipos de enzimas secretadas pelos fungos são as amilases, que hidrolisam moléculas de amido liberando dextrinas, maltooligossacarídeos curtos e glicose. Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a produção de amilases por linhagens fúngicas coletadas na cidade de Janaúba, no Norte de Minas Gerais, e caracterizar parcialmente as propriedades bioquímicas dessas enzimas em extrato bruto. Foram analisados quatro linhagens de fungos filamentosos, M1.5, M1.6, M2.3 e M2.4, para produção amilolítica, sendo selecionado o *Aspergillus* sp. M2.3 por apresentar maior atividade amilolítica. A otimização da produção enzimática foi obtida em cultivo submerso com o meio CP, enriquecido com sua própria solução de sais, durante dez dias de cultivo, à 30° C, de forma estacionária, tendo como fonte de nitrogênio o extrato de levedura juntamente com a peptona e o amido como a melhor fonte de carbono, com pH inicial do meio de cultura de 5,0. A temperatura ótima aparente para a atividade enzimática foi à 70° C no pH 4,5, com um tempo de meia-vida de até 60 minutos à 50° C. Além disso, apresentou grande estabilidade ao pH, mantendo atividade alta na faixa de pH 4,5 até 7,0 em um tempo superior a 120 minutos. Conclui-se, então, que o trabalho teve grande relevância científica, uma vez que o fungo escolhido, *Aspergillus* sp. M2.3, teve uma atividade amilolítica significativa e relevância para a aplicação industrial.

Palavras-chave: Enzimas, Fungos filamentosos, Amilases, *Aspergillus* sp.

POTENCIAL DE APLICAÇÃO DA LEVEDURA *Spathaspora hagerdaliae* NA PRODUÇÃO DE ETANOL DE SEGUNDA GERAÇÃO

Paulo Roberto Dall Cortivo¹, Lílian Raquel Hickert¹, Carlos Augusto Rosa², Marco Ayub¹

(paulodallcortivo@ufrgs.br)

1 – BiotecLab. Universidade Federal do Rio Grande do Sul

2 – Universidade Federal de Minas Gerais

As leveduras do gênero *Spathaspora* possuem grande interesse biotecnológico devido à sua capacidade de fermentação de glicose e xilose, sendo que, a capacidade de fermentação eficiente de xilose é uma característica restrita a poucos micro-organismos. Estes açúcares são os principais componentes da biomassa lignocelulósica, cujas estratégias de hidrólise e de fermentação dos caldos resultantes vêm sendo estudadas, visando o desenvolvimento da produção de etanol de segunda geração. Neste contexto, este trabalho tem como objetivo testar a capacidade de fermentação de hidrolisados resultantes da dissociação da fração de celulose e hemicelulose da mistura 1:1 das cascas de aveia e de soja. Foram realizados ensaios de fermentação de hidrolisados com diferentes concentrações de glicose e de xilose e altas pressões osmóticas do meio de cultura, maiores que $1300 \text{ mOsm.kg}^{-1}$, pela levedura *Spathaspora hagerdaliae* em biorreator, além de testar três diferentes condições de oxigenação dos meios de cultura: anaerobiose, 0,5 vvm e 1 vvm. Em um hidrolisado onde a xilose era o açúcar principal, com composição de açúcares fermentescíveis de aproximadamente 30 g.L^{-1} de xilose e 4 g.L^{-1} de glicose, os melhores parâmetros cinéticos foram obtidos com aeração de 0,5 vvm, com rendimento de etanol (g^{-1} de etanol produzido / g^{-1} de açúcar consumido) de $0,33 \text{ g.g}^{-1}$ e mais de 80% da xilose consumida. Já em um hidrolisado com concentrações equivalentes de glicose (30 g.L^{-1}) e xilose (30 g.L^{-1}), as condições de aeração de 0,5 vvm e 1 vvm não mostraram diferenças estatísticas significativas ($p < 0,05$) nos parâmetros de produção de etanol, rendimento e de consumo de xilose, com rendimentos de etanol variando de 0,38 a $0,41 \text{ g.g}^{-1}$ e mais de 90% da xilose consumida. Os resultados deste trabalho mostraram que a levedura *S. hagerdaliae* foi capaz de crescer em hidrolisados de casca de aveia e soja com altas pressões osmóticas e converter os açúcares em etanol. Além disso, os resultados sugerem a necessidade de fermentação com controle dos níveis de aeração para a obtenção de melhores parâmetros cinéticos de consumo de xilose e produção de etanol.

Palavras-chave: Biorefinaria, resíduos lignocelulósicos, glicose, xilose

Agência de fomento: CAPES

SELEÇÃO DE LINHAGENS INDUSTRIAIS RECOMBINANTES DE *Saccharomyces cerevisiae* METABOLIZADORAS DE XILOSE PARA CONVERSAO DESTA AÇUCAR A ETANOL DE SEGUNDA GERAÇÃO

Fernanda Benedetto Gazulha¹, Lilian Raquel Hickert², Marco Antônio Zacchia Ayub¹

(fernandagazulha@gmail.com)

1 – Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente - UFRGS

2 – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul

A levedura *Saccharomyces cerevisiae* é o microrganismo mais utilizado industrialmente para produção de etanol, devido a sua robustez na metabolização dos açúcares (hexoses) durante a fermentação e tolerância aos compostos gerados no processo fermentativo, como baixos valores de pH e presença de etanol, mostrando assim, um alto rendimento do produto. Entretanto, esta espécie não possui a via metabólica necessária para a metabolização de pentoses, principalmente a xilose, que é o segundo açúcar mais abundante na natureza, presente nos materiais lignocelulósicos. Buscando uma destinação mais nobre aos resíduos agrícolas que encontram-se no ambiente, como as cascas de soja e arroz e bagaço da cana-de-açúcar, têm-se utilizado estes resíduos como substrato para produção de etanol de segunda geração, uma vez que dispõem de açúcares como fonte de carboidrato. Com isso, foram selecionadas duas linhagens industriais (PE-2) recombinante de *Saccharomyces cerevisiae* (nomeadas 1594 e 1595), ambas contendo a via de metabolismo da xilose (clonada de *Scheffersomyces stipitis*) e genes putativos de transportadores de xilose (clonados de *Spathaspora xylofermentans*), seguido da deleção dos genes transportadores de hexoses próprios de *S. cerevisiae*. As duas linhagens foram cultivadas em agitador orbital a 180 rpm, acondicionadas em frascos de Erlenmeyer de 125ml contendo 45ml de meio YPD misto (extrato de levedura 10%; peptona 20 %; D-glicose 20% e Xilose 30%) e 5ml de células, em condição de microaerofilia, utilizando buchas de algodão. As concentrações de açúcares utilizadas no meio YPD misto simulam as encontradas na casca de soja hidrolisada. As amostras foram coletadas de 3 em 3 horas nas 12 primeiras horas, e após de 12 h em 12 h durante 120 h para análise do consumo dos açúcares e formação de produtos por HPLC e concentração celular por peso seco. Ambas as linhagens demonstraram metabolização da xilose presente no meio de cultivo com um Yp/s dos açúcares totais de 0,16 g.g⁻¹ para 1594 e 0,19 g.g⁻¹ para 1595. Houve a produção de etanol nas duas linhagens, porém a produtividade mostra-se provir da metabolização da glicose, que é a fonte de carbono preferencial, sendo consumida logo nas primeiras 24 h. Os resultados mostram que a modificação genética construída é eficiente para a metabolização da xilose, e estas linhagens podem tornar-se mais eficientes ao passarem por tratamentos evolutivos na presença de meio com diferentes concentrações de xilose.

Palavras-chave: leveduras; xilose; *Saccharomyces cerevisiae*; fermentação alcoólica

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

BIOATIVIDADES DE HIDROLISADOS DE FARINHA DE PENAS PRODUZIDOS POR *Bacillus* sp. CL33A

Bernardete da Silva Bernardo¹, Kelly Callegaro¹, Rodrigo Ferraz Ramos¹, Daniel Joner Daroit¹

(djdaroit@gmail.com)

1 – Laboratório de Microbiologia, Universidade Federal da Fronteira Sul, *Campus* Cerro Largo/RS

Penas, resíduos proteicos e recalcitrantes da indústria avícola, são comumente convertidas hidrotermicamente em farinha de penas (FP), usada em rações. Por sua baixa digestibilidade e valor nutricional, a FP é investigada como substrato de baixo custo em bioprocessos microbianos para a obtenção de produtos de maior valor agregado. Notadamente, hidrolisados derivados de materiais ricos em proteína vêm sendo reconhecidos por seus potenciais bioativos. Neste estudo, a bactéria *Bacillus* sp. CL33A foi empregada no bioprocessamento de FP, visando obter hidrolisados proteicos avaliados *in vitro* quanto a atividades antioxidantes e antidiabética. Para a produção de hidrolisados de FP (HFP), *Bacillus* sp. CL33A foi inoculado em meio mineral contendo FP (10 g/L) como substrato orgânico. Cultivos submersos foram realizados a 30 °C, 125 rpm, por 0-7 dias (t0-t7). Nos tempos estabelecidos, cultivos foram retirados e filtrados para mensurar a massa seca da FP. Após centrifugação dos filtrados, os sobrenadantes foram coletados, aquecidos (100 °C, 10 min) para inativar enzimas, e então denominados de HFP. Os HFP foram avaliados quanto à/ao: conteúdo de proteína solúvel; potencial antioxidante, pela captura de radicais 2,2-difenil-1-picrilhidrazil (DPPH, %) e 2,2'-azinobis(3-etilbenzotiazolina-6-ácidosulfônico) (ABTS, %), capacidade de quelar Fe²⁺ (%) e de reduzir Fe³⁺ a Fe²⁺ (A₇₀₀); e potencial antidiabético, através da inibição da enzima dipeptidil peptidase IV (DPPIV, %). A massa da FP foi reduzida em 91% após 7 dias de cultivo, resultando em elevação do conteúdo de proteínas solúveis, de 0,6 mg/mL (t0) para 7,9, 7,8 e 7,5 mg/mL em t5, t6 e t7, respectivamente. A captura de ABTS em t0 (12,8%) foi incrementada para 76,9-78,7% em t4-t7. Aumento da captura de DPPH também foi observado, de 20,6% (t0) para 59,8-63,6% (t4-t7). A capacidade quelante, de 0,1% (t0), atingiu 28,6% (t4), 31,9% (t5), 34,4% (t6), e 47,1% (t7). O poder redutor dos HFP foi de 0,18 A₇₀₀ no t0, sendo elevado para 0,42-0,48 A₇₀₀ nos t4-6. Os resultados indicam os potenciais mecanismos antioxidantes dos HFP, quais sejam, a transferência de elétrons (ABTS e poder redutor) e átomos de hidrogênio (DPPH), e a quelação de íons metálicos pró-oxidantes. Os HFPs também inibiram a DPPIV em 57,9% (t3), 48,9% (t4) e 42,2-46,4% (t5-t7), enquanto a inibição no t0 foi de 11,9%. Inibidores da DPPIV são usados no tratamento da diabetes tipo 2. A bioconversão representa estratégia promissora para a valorização da FP.

Palavras-chave: biodegradação; bioprocesso; hidrolisados proteicos; atividade antioxidante; atividade antidiabética

Agência de fomento: CNPq

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE NANOCÁPSULAS POLIMÉRICAS CONTENDO O PEPTÍDEO ANTIMICROBIANO P34

Henrique Ataíde Isaia¹, Cristian Mauricio Barreto Pinilla¹, Adriano Brandelli¹

(henriqueisaia@yahoo.com.br)

1- Laboratório de Bioquímica e Microbiologia Aplicada, Instituto de Ciências e Tecnologia dos Alimentos – ICTA – UFRGS

Isolado a partir da Bacia Amazônica, o *Bacillus* P34 produz um peptídeo (P34) com potente atividade contra microrganismos patogênicos e de degradação de alimentos. No entanto, problemas de estabilidade como degradação proteolítica e potencial interação desse composto com componentes alimentares, podem interferir na sua atividade biológica. Deste modo, a utilização de nanocápsulas poliméricas pode oferecer uma alternativa de proteção e aumento da eficácia e estabilidade dessas moléculas. Neste contexto, o objetivo do trabalho foi desenvolver e caracterizar nanocápsulas constituídas pelo copolímero Eudragit RS-100 para adsorver o peptídeo P34, e avaliar a manutenção da atividade antimicrobiana contra *Listeria monocytogenes* (ATCC 7644). A P34 foi produzida através de cultivo do *Bacillus* P34 em caldo BHI à temperatura de 30°C, e purificada por sulfato de amônio e gel filtração. As nanocápsulas foram obtidas pelo método da nanoprecipitação e foram carregadas com P34 na concentração final 2550 UA/mL. A análise dos parâmetros físico-químicos das nanopartículas foi realizada por Espalhamento de Luz Dinâmico (DLS). A análise morfológica das nanocápsulas foi examinada por Microscopia Eletrônica de Transmissão (MET). A manutenção da atividade biológica da P34 nas nanocápsulas foi estimada através de ensaio de curva de crescimento de *Listeria monocytogenes* (ATCC 7644) com inicial de 10³ UFC/mL em caldo BHI, leite desnatado e integral, e incubadas à temperatura de 4°C pelo período de 14 dias. A concentração final da P34 em todos os tratamentos foi de 320 UA/mL. Os resultados de tamanho médio, IPD e potencial zeta das nanocápsulas foram de 167,8 ± 11,9 nm; 0,149 ± 0,014 e 23,18 ± 6,19 mV, respectivamente. A MET revelou a formação de estruturas de tamanho e morfologia compatíveis a nanopartículas poliméricas. Em caldo BHI, as nanocápsulas foram capazes de controlar a população microbiana inicial durante todo o período de incubação. No entanto, tanto em leite desnatado, quanto integral as nanocápsulas não inibiram o crescimento bacteriano no período investigado. Concluiu-se que as nanocápsulas foram capazes de controlar a população microbiana em caldo BHI, inclusive exercendo um perfil de liberação controlada da P34 em função do tempo. No entanto, em leite, o mesmo fenômeno não foi observado. Provavelmente, a complexa composição protéica deste alimento parece estar interferindo no perfil de liberação da P34 pelas nanocápsulas.

Palavras-chave: Bacteriocinas, nanocápsulas, polímeros, microbiologia, alimentos

BIOTRANSFORMATION OF TURPENTINE OIL BY *Saccharomyces cerevisiae*.

Júlia Wieczorek¹, Camila de Oliveira Junkes¹, Arthur Fett-Neto¹

(fettneto@cbiot.ufrgs.br)

1 – Laboratory of Plant Physiology. Centre for Biotechnology and Department of Botany. Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS). Mail Box: 15005, CEP 91501-970, Porto Alegre, RS, Brazil.

Turpentine (the volatile fraction of the resin extracted from *Pinus*) is a mixture of terpenes, mostly α and β -pinene. These molecules have relevant market value, but are also important precursor sources for fine chemicals, whose monetary value is significantly higher. Verbenone is one of these compounds, having great demand by the pharmaceutical and biopesticide industry. Verbenone is chemically synthesized by α -pinene oxidation, but reactions using biological catalysts represent a potentially interesting alternative, with higher reaction specificity and better yield of desired chemical enantiomers. The biotransformation of pure α and β -pinene has already been shown to be viable on laboratory bench scale. However, since the separation of turpentine in its components is not carried out by the Brazilian industry, it is interesting to evaluate the production of derivatives of these molecules from the unpurified oil. In this sense, the use of *Saccharomyces cerevisiae* may represent an effective and low cost alternative to add value to turpentine produced by the forest industry. High cell density culture in minimal media indicated yeast cells can tolerate up to 1% of turpentine for 7 days, whereas a concentration of 10% is lethal within the same period. The incubation time of 2 days showed statistically similar cellular viability for all treatments tested. When the intracellular and extracellular portions were analyzed separately, equivalent verbenone levels were detected, indicating that the molecule can be both secreted and stored within the cells, and there was no statistical difference between the concentrations of 0.5 or 1% of turpentine applied to the medium. The highest concentrations of verbenone were observed in 0.5% of turpentine for 24 or 48 hours and 1% of turpentine for 48 hours. At pH 3.0 there was an increase of almost 4 times in verbenone concentration when compared to the corresponding negative control. There was no statistical difference between the yield of verbenone obtained with different yeast densities used when the concentration of verbenone is normalized on the basis of fresh cell mass. Overall, the level of purity of verbenone estimated by HPLC peak check varied between 70 and 99%. These results suggest that this protocol can be viable and likely amenable to further improved by optimization of reaction conditions.

Palavras-chave: biotransformation, oleoresin, turpentine, verbenone e *Saccharomyces cerevisiae*

Agência de fomento: CNPq, Fapergs



Modalidade Parasitologia

TENÍASE: UM RELATO DE CASO NO MUNICÍPIO DE NOVO HAMBURGO - RS

Fabiana Tais de Souza Hack¹, Gabriela Schiling Alves¹, Fairus Narsalla¹, Simone Ulrich Picoli¹

(fabiana.h@feevale.br)

1 – Universidade Feevale, Faculdade de Biomedicina

Teníase é uma enfermidade parasitária causada por *Taenia saginata* e *Taenia solium* e pode ser encontrada mundialmente em populações habituadas à ingestão de carne de porco ou de boi, crua ou malcozida. O homem é o hospedeiro definitivo da forma adulta dos parasitos intestinais. A maioria das infecções é assintomática, mas podem ocorrer náuseas, vômitos, anorexia, diarreia (eventualmente alternada com constipação), dores epigástricas, emagrecimento, tonturas e fenômenos alérgicos, como prurido cutâneo e urticária. Foram avaliados dados clínicos e de exames laboratoriais (hemograma e testes bioquímicos) de um paciente residente em Novo Hamburgo (RS) que apresentou quadro diarreico persistente. Em agosto de 2018 um paciente do sexo masculino, branco, 53 anos, diabético, buscou atendimento devido à dores abdominais e diarreia (sem febre). Exames coproparasitológicos por sedimentação espontânea de três amostras fecais revelaram a presença de ovos esféricos cuja casca apresentava estrias radiais e coloração acastanhada, sendo compatível com *Taenia* sp. O hemograma apresentou anemia normocítica normocrômica com eosinofilia. O aumento de 30% de eosinófilos é compatível com a parasitose, sendo a eosinofilia constante e proporcional ao grau de infestação. Em seu histórico clínico, relatou consumo frequente de carnes suína e bovina malpassadas. Os exames bioquímicos revelaram alteração nas taxas da albumina, creatinina, ureia, colesterol total e LDL-colesterol, sendo resultados associados à doença de base presente (diabetes). Não se sabe se o paciente recebeu tratamento (empírico) uma vez que o mesmo nunca retornou ao laboratório e as tentativas de contato telefônico não foram exitosas. Hábitos de alimentação com carnes cruas ou malcozidas são facilitadores de infecções por *Taenia* sp. Medidas preventivas abordando aspectos de educação para a saúde envolvendo higiene corporal, saneamento básico e consumo de água tratada são desejáveis. Junto disso, a população deve exigir dos órgãos governamentais competentes a fiscalização, avaliação e inspeção da carne para consumo, auxiliando no combate aos criadouros e abatedouros clandestinos. Desta forma, seria possível minimizar a contaminação do solo, a infecção de animais e de novos indivíduos.

Palavras-chave: Parasitose; *Taenia* sp.; Carne malcozida; Eosinofilia.

AÇÃO DE EXTRATOS FÚNGICOS SOBRE OVOS E LARVAS DE TRICOSTRONGILÍDEOS DE PEQUENOS RUMINANTES

Cristiane Telles Baptista¹, Caroline Quintana Braga¹, Júlia Silveira¹, Carolina Litchina Brasil¹, Fábio Raphael Pascoti Bruhn¹, Daniela Isabel Brayer Pereira¹

(E-mail: cris-baptista@outlook.com)

1 – Programa de Pós Graduação em Parasitologia - UFPel

As helmintoses gastrointestinais são fatores limitantes da atividade pecuária. A família Trichostrongylidae, incluindo os gêneros *Haemonchus*, *Trichostrongylus*, *Ostertagia*, *Nematodirus* e *Cooperia*, engloba os mais relevantes parasitos gastrointestinais que afetam os ruminantes. A utilização de anti-helmínticos é o método mais eficaz de controle do parasitismo, entretanto, o uso exacerbado e indiscriminado contribui para a resistência desses nematóides, bem como para a presença de resíduos nos produtos de origem animal e no ambiente. Neste contexto, o controle biológico é uma alternativa promissora e ambientalmente amigável. Este trabalho avaliou a ação *in vitro* de extratos fúngicos de *Purpureocillium lilacinum*, *Trichoderma virens* e *Duddingtonia flagrans* sobre ovos e larvas de tricostrongilídeos de pequenos ruminantes. A partir das culturas fúngicas foram preparados dois diferentes extratos: extrato filtrado (EF) e extrato macerado bruto (EMB). As fezes foram coletadas da ampola retal de ovinos naturalmente infectados com nematóides gastrointestinais e encaminhadas para o laboratório. Em um primeiro experimento avaliou-se a ação dos extratos na eclodibilidade dos ovos. Para isto, 1000 µL de cada extrato foram adicionados a frascos contendo quatro gramas de fezes ovinas parasitadas com 5.000 ovos de tricostrongilídeos. Em um segundo experimento, testou-se a ação dos extratos na migração de larvas. Assim, um volume de 1000 µL de cada extrato foi adicionado a frascos com quatro gramas de fezes e contendo 5.000 larvas (L3) de tricostrongilídeos. Nos grupos controle, 1.000 µL de meio mínimo foram adicionados a quatro gramas de fezes contendo 5.000 ovos ou 5.000 larvas. Antes de realizar o experimento todos os animais foram submetidos a OPG para quantificação parasitária. Todos os frascos foram incubados a 28°C, durante 6 dias. Em lupa estereoscópica realizou-se a contagem de ovos eclodidos no experimento 1 e o número de larvas viáveis no experimento 2. Os dados obtidos foram submetidos a análise estatística. Os resultados evidenciaram significativa ação ovicida do EMB de *T. virens* ($P < 0.05$) e significativa atividade larvicida dos EMB de *P. lilacinum* e de *D. flagrans*. Embora somente esses extratos tenham apresentado significância estatística, notou-se que todos os extratos aqui avaliados apresentaram atividade ovicida/larvicida, mostrando que esses fungos nematófagos são promissores para controle biológico de tricostrongilídeos.

Palavras-chave: Controle biológico; extratos fúngicos; parasitoses gastrointestinais; fungos nematófagos

Agência de fomento: Capes

AMOEBICIDAL ACTIVITY OF IMIDAZOLIUM SALTS

Laura Führich Fabres¹, Fabiany da Costa Gonçalves², Eliane Oliveira Salines Duarte³, Henri S. Schrekker⁴, Marilise Brittes Rott⁵

(E-mail: laurafabres@hotmail.com)

1- Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), RS, Brasil.

2- Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA), RS Brasil.

3- Faculdade de Farmácia/ Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

4- Instituto de Química, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

5- Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

Genus *Acanthamoeba* belongs to the group of free-living amoebae which are widely distributed in the environment. Several strains of this genus can cause granulomatous amoebic encephalitis (GAE), a rare chronic and slowly progressive infection of the central nervous system (CNS), and *Acanthamoeba* keratitis (AK), a sight-threatening eye infectious disease. AK incidence has recently increased with the high frequency of contact lens wearers and the treatment is currently limited and frequently unsuccessful. Imidazolium salts (IMS) are a class of synthetic organic salts which have promising antimicrobial potential. The objective of this study was to evaluate the amoebicidal activity of four IMS, 1-*n*-hexadecyl-3-methylimidazolium methanesulfonate ($C_{16}MImMeS$), 1-*n*-hexadecyl-3-methylimidazolium chloride ($C_{16}MImCl$), 1-*n*-hexadecyl-3-methylimidazolium bis (trifluoromethylsulfonyl) imide ($C_{16}MImNTf_2$) and 1-*n*-octadecyl-3-methylimidazolium chloride ($C_{18}MImCl$), against the strain of *Acanthamoeba castellanii* (ATCC30010) and a clinical isolate (genotype T4). For the assessment of the amoebicidal activity, concentrations of 250, 125, 62.5, 31.25, 15.62, 7.81 and 3.9 µg/mL of the three IMS were tested, being lethal to 100% of the *Acanthamoeba* trophozoites at the minimum inhibitory concentration (MIC) of 125 µg/mL and 62.5 µg/mL ($C_{16}MImMeS$), 31.25 µg/mL and 62.5 µg/mL ($C_{16}MImCl$), and 125 µg/mL and 125 µg/mL ($C_{18}MImCl$) for ATCC30010 and isolate T4, respectively. $C_{16}MImNTf_2$ did not demonstrate amoebicidal activity. All IMS have shown hemolytic effect against erythrocytes when compared to the untreated group. The cytotoxic effect of the IMS was tested in RAW macrophages and human brain microvascular endothelial cells (HBMEC) and they demonstrated cytotoxicity to all concentrations tested against both cell lines. Also, all IMS with amoebicidal activity presented low selectivity index value (SI < 1.0), demonstrating lack of selectivity for the parasite. Thus, the molecules ($C_{16}MImMeS$, $C_{16}MImCl$ and $C_{18}MImCl$) studied are promising components for contact lens cleaning and disinfection solutions.

Keywords: imidazolium salts, *Acanthamoeba*, keratitis, cytotoxicity, amoebicidal.



Apoiadores:



Patrocinadores:



Realização:

