

XX CONGRESSO NACIONAL ABRAVES

Produzindo suínos para um futuro sustentável

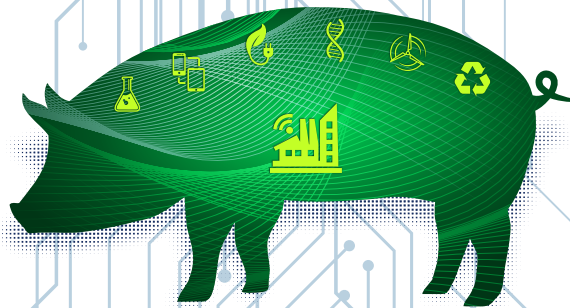
16 a 19 outubro de 2023

Centro de Eventos da PUCRS Porto Alegre / RS



ANAIIS **XX CONGRESSO** **NACIONAL ABRAVES**





XX CONGRESSO NACIONAL ABRAVES

Produzindo suínos para um futuro sustentável

Patrocínio Diamante

agroceres 

 **Boehringer
Ingelheim**




DANBRED
Brasil

dsm-firmenich 

HIPRA

 **MSD**
Saúde Animal

Phibro
ETHANOL PERFORMANCE GROUP™

Realização

 **ABRAVES**
Regional Rio Grande do Sul

Apoio Científico


UFRGS
UNIVERSIDADE FEDERAL
DO RIO GRANDE DO SUL

 **UPF**
UNIVERSIDADE
DE PASSO FUNDO

Secretaria Executiva


LUIZ BASSO
PRODUÇÕES
EVENTOS



COMISSÕES | Abraves 2023

COMISSÃO ORGANIZADORA

Presidente

Ana Paula Gonçalves Mellagi

Membros

André Hagemann
Alexandre Marchetti
Bruno Marimon
Eraldo Zanella
Fernando Bortolozzo
Gabriela Zanin
Karine Takeuti
Kelly Will
Rafael Ulguim

COMISSÃO CIENTÍFICA

Alícia Fraga
Ana Paula Mellagi
David Barcellos
Diogo Magnabosco
Eraldo Zanella
Fernando Bortolozzo
Franciele Siqueira
Gabriela Zanin
Ines Andretta
Marisa Cardoso
Rafael Frandoloso
Rafael Ulguim

COMISSÃO AVALIADORA

Alícia Fraga
André F. C. de Andrade
Andrea Ribeiro
Cesar Garbossa
Claudio Canal
Daniela Gava

David Driemeier
Diógenes Dezen
Gabriela Zanin
Ivan Bianchi
Ivan Bustamante
Karine Takeuti
Kelly Will
Laura Almeida
Mariana Marques
Thomaz Lucia Jr
Vinícius Cantarelli
Vladimir Oliveira

COMISSÃO DE TRABALHO

Diogo Magnabosco
Eduardo Wollmann
Fernando Retamal
Gabriel Vearick
Henrique Brandt
Juliana Calveyra
Marina Walter
Pedro Lisboa
Ricardo Nagae
Tiago Paranhos

DADOS INTERNACIONAIS PARA CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO (CIP)

C749a Congresso Nacional ABRAVES (20. : 2023 : Porto Alegre, RS)

Anais do XX Congresso Nacional ABRAVES, 16 a 19 de outubro de 2023, Porto Alegre [recurso eletrônico]: produzindo suínos para um futuro sustentável / organizado por Ana Paula Gonçalves Mellagi ... [et al.] - Porto Alegre: PUCRS. Centro de Eventos, 2023.

E-book
1 arquivo : il., 419 p.

Publicado como suplemento na Revista Acadêmica Ciência Animal, v. 21, jan-dez/2023.

1. Medicina Veterinária – Eventos. – 2. Suínos. I. Mellagi, Ana Paula Gonçalves (org.). II. Associação Brasileira de Veterinários Especialistas em Suínos. III. Título

CDU: 636.4

CATALOGAÇÃO NA FONTE: MARINA MAROSTICA FINATTO, CRB-10/2777 - BIBLIOTECÁRIA DA FACULDADE VETERINÁRIA/UFRGS

Perfil do bacterioma pulmonar de suínos ao abate

Swine lung bacteriome at slaughter

Luiza de Campos Menetrier¹

Karine Ludwig Takeuti²

Gabriela Merker Breyer¹

Larissa Caló Zitelli¹

Franciele Maboni Siqueira^{1*}

¹ Laboratório de Bacteriologia Veterinária, Departamento de Patologia Clínica Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil

² Faculdade de Veterinária, Universidade Feevale, Campo Bom, Brasil

*Correspondência: franciele.siqueira@ufrgs.br

Palavras-chave: Bacterioma. Diversidade bacteriana. Lesões pulmonares. Trato respiratório.

há evidências de que infecções respiratórias levam a uma modificação, que pode ser permanente ou temporária, na diversidade e composição da microbiota respiratória em suínos. O papel do bacterioma do trato respiratório de suínos, bem como as influências da doença respiratória sobre ele, ainda não foi estabelecido. Desta forma, o objetivo deste estudo foi avaliar o perfil do bacterioma em pulmões de suínos de acordo com a presença ou ausência macroscópica de lesão pulmonar ao abate.

Introdução

O Brasil é o quarto maior produtor de carne suína do mundo. No ano de 2022 atingiu índice de 12% do volume de exportações de carne suína, e as projeções são que este número cresça ainda mais em 2023 (Miele e Martins, 2022). Neste contexto de expansão, um dos maiores obstáculos para suinocultura é a ocorrência de doenças respiratórias, que levam a grandes perdas econômicas (Siqueira et al., 2017). A doença respiratória em suínos pode ser causada por vírus e bactérias, e sua etiologia é complexa, pois está também relacionada a questões imunológicas, ambientais e do próprio indivíduo. Alguns agentes bacterianos são reconhecidos como causadores desta patologia, porém espera-se que muitos agentes ainda não identificados pelos métodos convencionais estejam também envolvidos nestes quadros (Zang et al., 2020).

Com o intuito de aumentar o entendimento sobre a patogenia de doenças respiratórias e revelar novas formas de prevenção, a microbiota suína é cada vez mais estudada. É sabido que a microbiota influencia o sistema imune do hospedeiro, tanto de forma local como sistêmica (Sonalio et al., 2022). Além disso,

Material e métodos

Pulmões de suínos com idade entre 174 e 184 dias de vida, com presença de lesões macroscópicas de pneumonia (4 animais) e pulmões sem lesões visíveis (4 animais), foram selecionados em um frigorífico de inspeção federal. Os fragmentos pulmonares foram refrigerados e tiveram o DNA bacteriano total extraído através de kit comercial (PureLink™ Genomic DNA Mini Kit). A concentração e a qualidade do DNA foram medidas através de fluorômetro Qubit 2.0 (Thermo Fischer Scientific, Massachusetts, EUA) e Nanodrop (Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, EUA), respectivamente. Posteriormente, a região V4 do DNA ribossomal 16S (rDNA) de cada amostra foi amplificada utilizando *primers* universais. O sequenciamento de cada *amplicon* gerado foi realizado na plataforma Illumina MiSeq. As *reads* geradas foram filtradas por qualidade de base através do software FastQC (versão 0.11.4), sendo a profundidade do sequenciamento avaliada usando curvas de rarefação no Quantitative Insights

into Microsoft R Bioconductor v. 2 (QIIME2), enquanto a atribuição de taxonomia foi realizada utilizando a base de dados SILVA-138-99-nb-classifier.qza (SILVA database 138 SSU). A análise dos dados foi realizada por meio do software R (versão 4.1.1). A diversidade alfa (índice de Shannon e Observed ASVs) foi estimada pelo teste de Wilcoxon e as diferenças multivariadas, de acordo com a presença e ausência de lesão pulmonar, foram comparadas através de análise de coordenadas principais (PCoA) pelo método de Bray Curtis.

Resultados e discussão

A alfa diversidade foi mapeada por meio dos testes de Shannon e Observed ASVs para avaliar a diversidade e riqueza de composição bacteriana em cada amostra. Entre as amostras testadas, não identificou-se diferença significativa entre a composição bacteriana do grupo com e sem lesão pulmonar, resultado que condiz com estudos prévios (Wang et al., 2018; Almeida et al., 2022; Rampelotto et al., 2022). Ademais, a análise de PCoA não demonstrou segregação entre os grupos com e sem lesão pulmonar, indicando que a composição bacteriana não é influenciada pela existência de lesões macroscópicas.

Entre todas as amostras, os filos Firmicutes, Proteobacteria e Bacteroidota foram os mais abundantes. Em relação aos gêneros bacterianos, os mais predominantes em animais com lesão no pulmão ao abate foram: *Mycoplasma*, *Actinobacillus*, *Kingella*, *Prevotella* e *Clostridium sensu stricto* 1. Entre os animais que não apresentaram lesão pulmonar, os gêneros mais predominantes foram: *Actinobacillus*, *Mycoplasma*, *Kingella*, *Clostridium sensu stricto* 1 e *Anaerovibrio*. No entanto não houve diferença significativa entre a abundância dos dez gêneros mais identificados em animais com e sem lesão pulmonar. Com base nos dados obtidos com as amostras testadas, pode-se inferir que a microbiota pulmonar dos animais testados, estabelecida durante o ciclo de vida do animal, mantém-se até o momento do abate, mesmo que com lesões pulmonares aparentes.

Conclusão

Os resultados obtidos com estas análises indicam que as lesões pulmonares macroscópicas, ao abate, parecem não alterar a microbiota pulmonar bacteriana dos suínos testados neste estudo. Destaca-se que os resultados podem estar sendo influenciados pelo baixo número amostral.

Referências

- ALMEIDA, H.M.S. et al. Experimental Infection with *Mycoplasma hyopneumoniae* strain 232 in swine influences the lower respiratory microbiota. *Veterinary Sciences*, v.9, n.12, p.674, 2022.
- MIELE, M.; MARTINS, F. M. Anuário 2023 da Suinocultura Industrial, v. 309, n. 6, p. 20-27, 2022.
- RAMPELOTTO, P.H. et al. Comparative analysis of the upper respiratory bacterial communities of pigs with or without respiratory clinical signs: from weaning to finishing phase. *Biology*, v.1111, n.11, 2022.
- SIQUEIRA, F.M. et al. Microbiome overview in swine lungs. *PLoS ONE*, v.12, n.7, p.1-12, 2017.
- SONALIO, K. et al. Influence of *Mycoplasma hyopneumoniae* natural infection on the respiratory microbiome diversity of finishing pigs. *Veterinary Research*, v.53, n.23, p.1-12, 2022.
- WANG, Q. et al. Comparison of oropharyngeal microbiota in healthy piglets and piglets with respiratory disease. *Frontiers in Microbiology*, v.9, 2018.
- ZANG, J. et al. Effects of respiratory disease on Kele piglets lung microbiome, assessed through 16S rRNA sequencing. *Veterinary World*, v.13, n.9, 1970-1981, 2020.