

ANAIS

VII SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MICROBIOLOGIA APLICADA

**III ENCONTRO LATINO AMERICANO DE MICROBIOLOGIA APLICADA/
IX ENCONTRO NACIONAL DE ESTUDANTES DE
PÓS-GRADUAÇÃO EM MICROBIOLOGIA DA ÁREA AGRÍCOLA
XI FÓRUM DOS COORDENADORES DOS PROGRAMAS DE
PÓS-GRADUAÇÃO EM MICROBIOLOGIA DA ÁREA AGRÍCOLA**



ISSN 2237-1672

**UFRGS
PORTO ALEGRE-RS
16-18 de maio de 2014**

Ficha técnica

*Os resumos contidos nesta publicação são de inteira
responsabilidade de seus autores.*

Comissão científica

Alexandre M. Fuentefria
Aline G. Dall Bello
Ana Paula Folmer Corrêa
Ana Paula Frazzon
Eduardo César Tondo
Elisandra Minotto
Enilson Luiz S. de Sá
Fátima M. Bento,
Helton F. dos Santos
Ismael P. Sauter
José Carlos Germani
Patricia Quadros
Rosane Rech
Sueli T. Van der Sand
Thais F. Teixeira
Tiane M. de Moura

Comissão resumos

Gabriela Albiero
João Luiz Rosa da Silva
Sabrina Anderson Beker



Informações gerais

Local do evento:

Salão de Atos II
Universidade Federal do Rio Grande do Sul
Av. Paulo Gama, 110 - Campus Central UFRGS.
Fone: (51) 3308.3058



Prefácio

O Simpósio Brasileiro de Microbiologia Aplicada chega a sua sétima edição. O evento vem sendo realizado desde 2007, organizado pelos alunos do Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola e do Ambiente, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

A edição de 2014 abrange pesquisas que vêm sendo desenvolvidas em âmbito nacional e latino americano, com o objetivo de compartilhar o conhecimento produzido nos diferentes campos da Microbiologia, através da divulgação de trabalhos científicos, discussão de temas das diversas áreas com um olhar crítico e científico, aumentando os horizontes e despertando novos interesses nos profissionais em formação ou já formados.

O evento contempla ainda o III Encontro Latino Americano de Microbiologia Aplicada, o IX Encontro Nacional dos Estudantes de Pós-Graduação de Microbiologia Agrícola e o XI Fórum dos Coordenadores dos Programas de Pós Graduação em Microbiologia da Área de Ciências Agrárias.



Comissão organizadora

Sueli Teresinha Van Der Sand (Coordenadora)

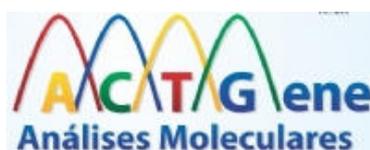
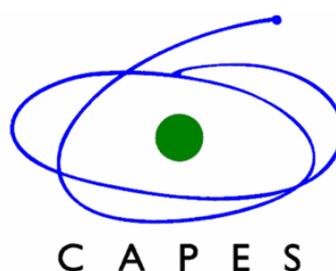
Ana Paula Winter Pastore
Andrea Formoso de Souza
Aline Oliboni de Azambuja
Aícha Daniela Ribas e Ribas
Ana Maria Antonello
Carla de Magalhães Karusky
Daniele Vargas de Oliveira
Francielle Bucker
Gabriela Albiero
Géssica Aracéli Costa
Janira Prichula
João Luiz Rosa da Silva
Juliana Penteadó Coelho
Laura Führich Fabres
Letícia Muner Otton
Marcela Proença Borba
Rebeca Inhoque Pereira
Sabrina Anderson Beker
Thiago Nunes Pereira
Vanessa Zimmer da Silva
Vinicius José Maschio



Realização



Apoio





VOIGT, F. M. ; FACCIN, A. ; GONÇALVES, C. L. ; SCHIAVON, D. B. A. ; BOHM, B. C. ; LESSA, L. F. ; SCHUCH, L. F. D. . Atividade antibacteriana de extratos de *Syzygium cumini* (L.) Skeels (jambolão) contra microorganismos associados à mastite bovina. **Revista Cubana de plantas Mediciniais**, vol.18 no.3 julho Havana-set. 2013

Cristina Tonial Simões¹, Letícia Bastos de Melo², Gabriela Albiero³, Roberto Baptista de Oliveira⁴, Marisa da Costa⁵. IDENTIFICAÇÃO DE BACTÉRIAS AERÓBIAS DA CAVIDADE ORAL DE DUAS ESPÉCIES DE SERPENTES DE UMA REGIÃO DE DUNAS NO LITORAL NORTE DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

¹Bolsista Voluntária de Programa de iniciação científica PROPESQ- UFRGS, E-mail: crists02@gmail.com

²Bacharel em Ciências Biológicas com ênfase em Biologia Marinha e Costeira – UERGS

³Mestranda do Programa Pós Graduação em Microbiologia- ICBS-UFRGS

⁴ Professor Doutor Biologia- UERGS, ⁵ Professora Doutora do Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia ICBS-UFRGS

Introdução

As duas espécies de serpentes, *Philodryas patagoniensis* e *Xenodon dorbignyi*, são frequentemente encontradas na região de dunas da localidade Magistério, município do Balneário Pinhal, Rio Grande do Sul, Brasil. Durante um projeto de TCC, no período de outubro de 2011 e janeiro de 2012 foram coletadas amostras do material da cavidade oral dessas espécies, chegando num total de 34 cepas bacterianas isoladas, as quais estão sendo identificadas nesse estudo. O conhecimento da microbiota aeróbia oral dos exemplares de serpentes coletadas teve como objetivo avaliar se esta poderia ser fonte de infecção secundária no local da picada em caso de acidentes.

Métodos

As cepas bacterianas isoladas estavam congeladas e foram re-isoladas pelo método de esgotamento em ágar triptose de soja e, posteriormente, analisadas características como: morfologia colonial, coloração de Gram e de esporos, testes oxidase, catalase e oxidação e fermentação glicose. De todas as cepas foram feitas PCR com oligonucleotídeos iniciadores para o gene do RNA16S bacteriano e, após purificações, os fragmentos amplificados foram enviados para sequenciamento.

Resultados e discussão

Com base nos métodos bioquímicos foi possível identificar seis gêneros distintos: *Aeromonas* sp., *Aureobacterium* sp., *Bacillus* sp., *Microbacterium* sp., *Micrococcus* sp. e *Proteus* sp. Desses gêneros, *Aeromonas* sp., *Bacillus* sp. e *Proteus* sp. têm sido associados a infecções secundárias em lesões cutâneas. Até o momento, dez cepas tiveram o DNA sequenciado, das quais foram confirmadas as seguintes espécies: *Aeromonas jandaei*, *Arthrobacter defluvii*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Comamonas testosteroni*, *Pseudomonas plecoglossicida*, *Staphylococcus saprophyticus* *Staphylococcus sciuri* *Staphylococcus hominis* e *Stenotrophomonas maltophilia*. As espécies de *Staphylococcus* sp. encontradas são comensais da pele de humanos ou animais e também em casos de infecções cutâneas oportunistas. *Stenotrophomonas maltophilia* também é um patógeno oportunista em humanos e outros animais. Vinte e quatro cepas ainda não tiveram o seu DNA sequenciado.

Entre as espécies já identificadas observa-se a presença de bactérias que são patógenos oportunistas nos homens e animais e pode-se concluir que, se presentes no momento da picada do animal, podem ser causadores de infecções oportunistas.

Daniela Barbosa Behrends¹, Taiz Leonor Lopes Simão², Adriana Giongo³, João Marcelo Medina Ketzer⁴, Dennis Miller⁵, Renata Medina da Silva⁶. ANÁLISE METAGENÔMICA DE COMUNIDADES MICROBIANAS DE SEDIMENTO MARINHO PROFUNDO

¹Graduanda em Ciências Biológicas - Bacharelado, PUCRS, Rio Grande do Sul-RS, Brasil, Bolsista FAPERGS; E-mail: daniela.behrends@acad.pucrs.br

²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, PUCRS, Rio Grande do Sul-RS, Brasil, Bolsista CAPES.

³Pesquisadora do Centro de Excelência em Pesquisa e Inovação em Petróleo, Recursos Minerais e Armazenamento de Carbono – PUCRS, Rio Grande do Sul-RS, Brasil

⁴Coordenador do Centro de Excelência em Pesquisa e Inovação em Petróleo, Recursos Minerais e Armazenamento de Carbono – PUCRS, Rio Grande do Sul-RS, Brasil



⁵Centro de Pesquisas e Desenvolvimento Leopoldo Américo Miguez de Mello (Cenpes), Rio de Janeiro-RJ, Brasil. – PUCRS, Rio Grande do Sul-RS, Brasil

⁶Professora Adjunta – PUCRS, Rio Grande do Sul-RS, Brasil

Introdução

Nos ambientes marinhos habitam micro-organismos procarióticos que desempenham funções essenciais na ciclagem de matéria orgânica (Snelgrove *et al.*, 1997) e possuem várias estratégias de sobrevivência para variadas condições ambientais. O sedimento marinho profundo abriga uma gama de espécies procarióticas quimiossintetizantes que conseguem utilizar as fontes de energia disponíveis neste ambiente peculiar, caracterizado pela baixa ou inexistente incidência de luminosidade.

A motivação para o presente estudo se baseia na caracterização de comunidades procarióticas de sedimento marinho profundo ainda pouco exploradas, as quais apresentam, além de seu valor intrínseco, potenciais aplicações biotecnológicas futuras que utilizem possíveis peculiaridades desses organismos e seus metabolismos. Para tal, se têm como ferramenta de estudo a metagenômica, capaz de abranger uma parcela maior de organismos de uma amostra ambiental, já que as metodologias de microbiologia clássica possuem certos limitantes, ainda que sejam de extrema importância. A maioria das análises nesse ramo empregaram sequências de DNA ribossomal para segmentos de gene de rDNA 16S em procariotos (Singh *et al.*, 2009) o qual será utilizado como marcador.

Material e Métodos

Durante uma Missão Oceanográfica na porção Sul do Oceano Atlântico coletou-se sedimento marinho com o navio de pesquisa Marion Dufresne (MD195). Com um pistão, que coleta colunas de sedimento, foram amostradas duas profundidades distintas de quatro pistões totalizando 8 amostras que correspondem ao topo de cada pistão (superfície do sedimento marinho) e três metros abaixo. As amostras destinadas às análises metagenômicas foram submetidas à extração de DNA seguindo o protocolo descrito por Zhou *et al.* 1996. O DNA foi amplificado com os oligonucleotídeos descritos por Bates *et al.*, 2010. Os fragmentos do gene 16S ribossomal foram submetidos à técnica de *Next Generation Sequencing*, realizada pela plataforma *Ion Torrent (Life Technologies)*. O software PRINSEQ (Schmieder *et al.*, 2011) foi utilizado para a triagem de sequências com comprimento ≥ 100 pb e valor de *Phred* ≥ 20 . Os metagenomas triados foram submetidos à análise comparativa (similaridade e abundância de organismos) com o auxílio do servidor MG-RAST (Meyer *et al.*, 2008). Além da caracterização metagenômica, estão em andamento procedimentos de cultivo e isolamento de micro-organismos aeróbicos, que terão descrita sua morfologia celular e colonial, assim como coradas por método de Gram.

Resultados e Discussão

Observamos a formação de três grupos, onde, em três pistões as amostras de topo são mais similares entre si, bem como, as amostras de profundidade. Também pode-se observar a formação de um grupo distinto que reúne duas amostras de um mesmo pistão, o qual possui características químicas diferenciadas (Figura 1).

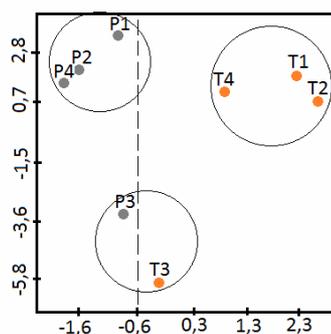


Figura 1: Análise de coordenadas principais (PCoA). Os primeiros dois eixos explicam 76% da variação dos dados. Os pontos representados por Px (em cinza) correspondem às amostras de 3 metros de profundidade, e os representados por Tx (em laranja) correspondem às amostras de topo. A numeração indica a qual pistão a amostra pertence.

Conclusões

As amostras diferiram entre si e foram discriminadas em dois grupos que correspondem a localização de amostragem (topo/profundidade). Houve a formação de um terceiro grupo, onde as amostras de profundidades distintas agruparam-se devido a características químicas.

Agradecimentos

Os procedimentos foram feitos com o fomento fornecido pela FAPERGS e pela Petrobrás.



Literatura citada

- BATES ST, BERG-LYONS D, CAPORASO JG, WALTERS WA, KNIGHTS R, FIERER N. 2010. **Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil.** The ISME Journal 5: 908-917.
- MEYER, F., PAARMANN, D., D'SOUZA, M., OLSON, R., GLASS, E.M., KUBAL, M., PACZIAN, T., RODRIGUEZ, A., STEVENS, R., WILKE, A., WILKENING, J., EDWARDS, RA. 2008. **The metagenomes RAST server – a public resource for automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes.** BMC Bioinformatics. 9:386.
- SCHMIEDER, R., EDWARDS, R. 2011. **Quality control and processing of metagenomic datasets.** Bioinformatics App. Note. 27: 863-864.
- SNELGROVE, P.V.R., BLACKBURN, T.H., HUTCHINGS, P., ALONGI, D., GRASSLE, J.F., HUMMEL, H., KING, G., KOIKE, I., LAMBSHEAD, P.J.D., RAMSING, N.B., SOLIS-WEISS, V., FRECKMAN, D.W. 1997. **The importance of marine sediment biodiversity in ecosystem processes.** Ambio 26,578–582
- SINGH J, BEHAL A, SINGLA N, JOSHI A, BIRBIAN N, SINGH S, BALI V, BATRA N. 2009. **Metagenomics: Concept, methodology, ecological inference and recent advances.** Biotechnol. J., 4, 480–494.
- ZHOU, J., BRUNS, M.A., and TIEDJE, J.M. 1996. **DNA recovery from soils of diverse composition.** Appl. Environ. Microbiol. 62: 316-322.

Daniela Reis Joaquim de Freitas¹, Leticia Narciso². QUALIDADE DO AR INTERNO EM AMBIENTES CLIMATIZADOS NA UNIVERSIDADE DO OESTE DE SANTA CATARINA, XANXERÊ, SANTA CATARINA

¹Docente do Departamento de Ciências Biológicas da Universidade do Oeste de Santa Catarina, Campus de Xanxerê, SC. E-mail: danielarjfreitas@yahoo.com.br

²Acadêmica do curso de Ciências Biológicas da Unoesc Campus de Xanxerê, Brasil. E-mail: Leti_n@hotmail.com

Introdução

A qualidade de vida das pessoas é influenciada pela qualidade do ar que respiramos. Em geral, as pessoas passam mais de 80% de seu tempo em ambientes fechados, uma vez que os ambientes climatizados artificialmente são projetados para oferecer o máximo de conforto a seus ocupantes, podendo ser um ambiente ameaçador para a saúde humana.

Os primeiros ambientes climatizados surgiram na década de 30, onde temperatura e umidade do ar eram controladas, proporcionando conforto térmico para as pessoas que ali conviviam. No entanto, com a crise do petróleo e a mudança dos materiais de construção que ocorreu na década de 70. Como consequência direta disto houve diminuição da concentração de oxigênio e da diminuição da umidade do ar, e começaram a surgir lesões de vias respiratórias (BASENGE, 2001).

É sabido que por mais limpos que sejam os mesmos, sempre se verifica a presença de bactérias, fungos e vírus, etc. que podem causar graves danos à saúde humana. O ar é um excelente meio de dispersão para os micro-organismos, havendo sempre uma maior contaminação em ambientes fechados (PREFEITURA DE FLORIANÓPOLIS, 2009). De fato, dentro de hospitais e centros cirúrgicos, o ar é uma grande fonte de contaminação de pacientes. Até porque o aumento da contaminação do ar, em especial nos grandes centros urbanos, tem se tornado cada vez mais importante como fonte de agravo à saúde do homem e dos demais seres vivos. A Organização Mundial de Saúde contabilizou a contribuição de uma variedade de fatores de risco às doenças e determinou que a poluição do ar fosse considerada o 8^a fator de risco mais importante, sendo responsável por 2,7% do conjunto de casos de doenças no mundo.

O presente estudo teve como objetivo avaliar a qualidade do ar em ambientes climatizados da Universidade do Oeste de Santa Catarina – UNOESC Campus de Xanxerê, através de análises da microbiota presente em filtros dos climatizadores entre os meses de agosto a outubro, caracterizando e identificando espécies de fungos e bactérias isoladas dos mesmos.

Material e Métodos

As amostras da Qualidade do Ar Interno foram coletadas nos meses de agosto a outubro, em 20 salas climatizadas na Unoesc – Campus de Xanxerê, de forma aleatória. As amostras foram coletadas em placas com ágar peptona 2%, sendo que o climatizador foi ligado cinco minutos antes das coletas, e então a placa aberta era colocada próxima do climatizador (em torno de 10 cm de distância) e ali permanecia por 1 minuto. Depois disto, era fechada e