RESUMO SIMPLES - AQUICULTURA

DINÂMICA DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS AO LONGO DO DESENVOLVIMENTO INICIAL DE COLOSSOMA MACROPOMUM

Juliana Do Nascimento Ferreira (ferreirajn18@gmail.com)

Igor Bartolomeu Alves De Barros (Igor.alves@ifpa.edu.br)

Camilly Maria Santos Dos Santos (camillymaria1145@gmail.com)

Layana Aparecida Batista Pereira (layana.pbatista@gmail.com)

Laine Patricia Costa Dos Santos (laine.p.c.s@gmail.com)

Luciano Jensen (luciano.vaz@ufopa.edu.br)

Michelle Midori Sena Fugimura (michelle.fugimura@ufopa.edu.br)

Gustavo Claudiano (gsclaudiano@gmail.com)

A microbiota associada às fases iniciais de desenvolvimento de peixes desempenha papel fundamental na colonização intestinal, no estabelecimento da imunidade e na interação hospedeiro-microrganismo. No entanto, ainda são escassos estudos sobre a dinâmica de bactérias cultiváveis durante as fases embrionárias e larvais de espécies nativas da Amazônia. Assim, este estudo teve como objetivo caracterizar bactérias cultiváveis associadas ao desenvolvimento inicial do tambaqui (Colossoma macropomum), desde ovos até fases larvais e juvenis iniciais. Amostras foram coletadas em diferentes estágios de desenvolvimento, incluindo gametas masculinos e femininos, ovos recém-fertilizados, 6 horas após a fertilização (hpf), estágios embrionários intermediários (13–15 hpf), larvas (48, 72 e 96 horas após a eclosão) e fases

posteriores (12, 19, 26, 33 e 40 dias pós-eclosão). As amostras foram submetidas a lavagens sucessivas com PBS estéril e solução de iodo, visando à remoção de contaminantes externos, como etapa prévia ao cultivo microbiológico. Em seguida, as bactérias foram isoladas em meio TSA e caracterizadas por coloração de Gram e teste de catalase, sendo posteriormente identificadas por espectrometria de massas MALDI-TOF. Foram isolados 37 microrganismos bacterianos distribuídos entre gameta feminino, embriões, larvas e juvenis, não sendo observado crescimento bacteriano no gameta masculino. A maior frequência de isolados foi registrada na fase larval, com 15 isolados (41%), seguida pelas fases embrionária e juvenil, ambas com 9 isolados (24%), enquanto o gameta feminino apresentou 4 isolados (11%). A riqueza bacteriana foi maior nas larvas (S = 9), seguida pelos embriões (S = 7), enquanto gameta feminino e juvenis apresentaram 4 gêneros cada. O índice de Shannon indicou maior diversidade na fase embrionária (H' = 2,222), seguida pela fase larval (H' = 2,166), com menores valores no gameta feminino (H' = 1,761) e nos juvenis (H' = 1,477). O índice de Simpson apresentou padrão semelhante, com maior diversidade nas fases embrionária (1-D = 0,944) e larval (1-D = 0,848), e menor diversidade nos juvenis (1-D = 0,806). O diagrama de Venn evidenciou a presença de gêneros exclusivos em todas as fases, enquanto a análise de cluster baseada no índice de Bray–Curtis (UPGMA) demonstrou maior similaridade entre gametas e embriões e maior dissimilaridade nas larvas. Esses resultados indicam um padrão de sucessão microbiana ao longo do desenvolvimento inicial, com aumento da riqueza bacteriana até a fase larval. A ausência de crescimento bacteriano no gameta masculino sugere baixa contribuição microbiana paterna, enquanto a dissimilaridade das larvas indica a eclosão como um ponto de transição na estrutura microbiana, com maior influência ambiental. Conclui-se que a microbiota bacteriana cultivável do tambaqui apresenta dinâmica ao longo do desenvolvimento inicial, reforçando a importância dessas fases para o estabelecimento microbiano e para o manejo em sistemas aquícolas.

Palavras-chave: aquicultura; microbiota; tambaqui; sucessão ecológica; maldi-tof.