RESUMO SIMPLES - AQUICULTURA

ABUNDÂNCIA RELATIVA DE ESPÉCIES BACTERIANAS DA MICROBIOTA INTESTINAL DE COLOSSOMA MACROPOMUM SUPLEMENTADO COM WEISSELLA CIBARIA APÓS DESAFIO COM AEROMONAS HYDROPHILA

Iris Mayara Leão Mota (irismayara.2809@gmail.com)

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

Larissa Andréia Ferreira Sampaio (larismpo@gmail.com)

Andrya Lopes Leão (andryalopesandrya@gmail.com)

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

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

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

Gustavo Da Silva Claudiano; (gustavo.claudiano@ufopa.edu.br)

Introdução: A microbiota intestinal desempenha funções essenciais na nutrição e imunidade dos animais. Em sistemas aquícolas, a utilização de probióticos surge como uma estratégia sustentável para a melhoria da saúde intestinal e aumentar a resistência a doenças relacionadas ao ambiente de criação. Dentre os microrganismos com potencial probiótico, espécies do gênero Weissella têm demonstrado capacidade de modular respostas fisiológicas do hospedeiro. No entanto, informações sobre como a suplementação probiótica com espécies desse gênero pode influenciar a composição da microbiota intestinal frente à desafios bacterianos ainda são escassos; Objetivo: O presente estudo avaliou a abundância relativa da microbiota intestinal de juvenis de Colossoma

macropomum submetidos à suplementação com cepas de Weissella sp. e posteriormente desafiados com Aeromonas hydrophila (1,78 × 10? UFC/mL); Metodologia: Foram utilizados 300 juvenis (13,13 ± 0,75 g), inicialmente distribuídos em cinco tratamentos: controle (T1); ração suplementada com a cepa M14 fornecida três vezes ao dia (T2) ou uma vez ao dia (T3); e ração suplementada com a cepa I10 fornecida três vezes ao dia (T4) ou uma vez ao dia (T5), com quatro repetições por tratamento. A suplementação foi realizada durante 90 dias. As amostras denominadas “antes” corresponderam ao intestino coletado ao final do período de suplementação, previamente ao desafio sanitário, enquanto as amostras “depois” foram coletadas após 24 horas do desafio experimental com A. hydrophila. Para a análise da microbiota intestinal, foram coletados intestinos de peixes submetidos a jejum de 24 h e eutanasiados com overdose de benzocaína, sendo nove indivíduos por tratamento; a porção distal do intestino foi coletada sob condições assépticas. O perfil da comunidade microbiana foi determinado por sequenciamento da região V3–V4 do gene 16S rRNA, utilizando os primers 341F e 806R, em plataforma Illumina MiSeq. As análises bioinformáticas incluíram avaliação da qualidade das sequências (Phred = 20), união das leituras paired-end, remoção de sequências de baixa abundância e atribuição taxonômica por alinhamento contra bancos de dados de referência do gene 16S rRNA. A abundância relativa das espécies bacterianas foi obtida a partir da proporção de leituras atribuídas a cada táxon em relação ao total de sequências de cada amostra, sendo as 15 espécies mais abundantes representadas individualmente e os demais táxons agrupados na categoria “Outros”; Resultados: Antes do desafio, a microbiota intestinal foi predominantemente composta por Cetobacterium somerae em todos os tratamentos, representando a maior fração da abundância relativa. Após o desafio com A. hydrophila, observou-se redução na dominância de C. somerae e aumento relativo de táxons oportunistas, principalmente membros da família Enterobacteriaceae, incluindo espécies como Enterobacter, Citrobacter, Cronobacter e Klebsiella, além da detecção de Aeromonas spp. Houve variação dessas alterações entre os tratamentos, indicando reorganização da composição microbiana após o desafio; Conclusões: Esses resultados demonstram que o desafio sanitário promoveu alterações na estrutura da microbiota intestinal de tambaquis, evidenciadas pela redistribuição da abundância relativa das principais espécies bacterianas.

Palavras-chave: tambaqui; microbiota intestinal; probióticos; desafio sanitário; aquicultura.