



Anais VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

09 a 12 de novembro de 2020

ISBN: 978-65-88187-01-2

Realização:



Apoio:



Patrocínio:



VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

Forma de apresentação AUTOMÁTICO

Eixo / Subeixo RECURSOS GENÉTICOS DE MICRORGANISMOS / 4-DOCUMENTAÇÃO

Código do trabalho 734

Título DIVERSIDADE DA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS DE INTERESSE PARA A SUINOCULTURA E AVICULTURA (CMISEA) DA EMBRAPA SUÍNOS E AVES

Autores CATIA SILENE KLEIN, IARA MARIA TREVISOL

Instituição EMBRAPA SUÍNOS E AVES

Este trabalho objetiva a divulgação da diversidade da CMISEA, cujo acervo é formado por 2.371 linhagens cadastradas no Sistema Alelomicro (Embrapa Recursos Genéticos), distribuídas no Domínios Bactéria com 2.234 bacterias, Riboviria, Monodnaviria e Reino Duplodnaviria com 37 vírus). As linhagens

de Bactérias pertencem a 11 Famílias e 18 Gêneros: **Actinomycetaceae**: *Arcanobacterium*; **Alcaligenaceae**: *Bordetella*; **Campylobacteraceae**: *Arcobacter*, *Campylobacter*; **Erysipelotrichidae**: *Erysipelothrix*; **Enterobacteriaceae**: *Salmonella*, *Escherichia*, *Proteus*, *Yersinia*, *Citrobacter*; **Mycoplasmataceae**: *Mycoplasma*; **Mycobacteriaceae**: *Mycobacterium*; **Pasteurellaceae**: *Pasteurella*, *Glässerella*, *Actinobacillus*; **Pseudomonadaceae**: *Pseudomonas*; **Staphylococcaceae**: *Staphylococcus*; **Streptococcaceae**: *Streptococcus*. As 137 linhagens de vírus estão distribuídas em 9 Famílias e 8 Gêneros: **Anelloviridae**: *Gyrovirus*; **Circoviridae**: *Circovirus*; **Coronaviridae**: *Gammacoronavirus*; **Picornavirinae**: *Senecavirus*, **Orthomyxoviridae**: *Alphainfluenzavirus*; **Paramyxoviridae**: *Orthoavulavirus*; **Pneumoviridae**: *Metapneumovirus*; **Parvoviridae**: *Protoparvovirus* e **Ackermannviridae**, provável família dos bacteriófagos ainda em caracterização (gênero não definido). Os gêneros *Salmonella* (859), *Escherichia* (265), *Pasteurella* (258), *Campylobacter* (152), *Glässerella* (147), *Mycobacterium* (137), *Bordetella* (133), *Actinobacillus* (116), *Streptococcus* (107) e *Alphainfluenzavirus* (105) correspondem a 96,1% do acervo da CMISEA. Quanto a Taxonomia, 87,5% possuem identificação mínima em nível de espécie, 9,7% em nível de subespécie ou sorovar, 5,8% em nível de gênero e 2 linhagens apenas em nível de ordem. As linhagens de *Anamox* (*Anaerobic Ammonium Oxidation*), que realizam a oxidação anaeróbia da amônia, compreendem uma comunidade de bactérias. Algumas foram identificadas pelo gene 16S rRNA: *Nitrobacter*, *Nitrosomonas*, *Nitrospira*, *Nitrosococcus*, *Nitrosovibrio*, *Nitrosolobus*, *Janthinobacterium*, *Candidatus Jettenia asiatica*, *Candidatus Anammoxoglobus propionicus*, *Candidatus Brocadia anammoxidans*, *Candidatus Kuenenia stuttgartiensis* e uma denominada *Brasiliis concordiensis*, juntas formam um “consórcio de microrganismos”. Quanto ao Bioma brasileiro, local de origem da coleta primária da linhagem, o acervo está distribuído na Mata Atlântica: 84,6%, Cerrado: 7,9%, Pampa: 2,9%, Pantanal, Amazônia e Caatinga juntos: 0,21%. Quanto ao hospedeiro, 90% das linhagens formam dois grandes grupos, *Sus scrofa domesticus* (67%) e *Gallus gallus* (20,8%), uma vez que a coleção foi construída com foco nas cadeias de suínos e aves. Demais hospedeiros são *Homo sapiens*, *Bos taurus* e *Mus musculus*. A CMISEA hoje possui um acervo muito bem caracterizado,

as linhagens são disponibilizadas para possíveis intercâmbios por meio da plataforma Alelo Web (<http://alelomicro.cenargen.embrapa.br>).

Palavras CMISEA,Alelomicro,CNPSA
Chave