

Componentes do microbioma fecal e ruminal associados à suscetibilidade à infecção por *Haemonchus contortus* em ovinos Morada Nova

Wesley dos Santos Silva¹; Tainã Figueiredo Cardoso²; Bruno Gabriel Nascimento Andrade³; Juliana Virginio Silva⁴; Liliane Costa Conteville²; Juliana Afonso²; Jennifer Bruscadin⁴; Cintia Hiromi Okino⁵; Rafaela Tami Ikeda Kapritchkoff⁶; Ana Carolina de Souza Chagas⁷; Luciana Correia de Almeida Regitano⁷

¹Aluno de graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, São Paulo, Brasil; weslle.ws@gmail.com.

²Pós-doutoranda da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, Brasil.

³Departamento de Ciência da Computação, Munster Technological University, MTU/ADAPT, Cork, Irlanda.

⁴Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil.

⁵Analista da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, Brasil.

⁶Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

⁷Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, Brasil.

Morada Nova é uma raça de ovelhas deslanadas adaptadas ao clima tropical do país e que possuem aptidão relacionada à produção de carne e couro. As infecções por nematoides gastrintestinais representam um dos problemas mais críticos na produção de ovinos, agravados pelo aumento da resistência devido ao uso indiscriminado de drogas anti-helmínticas. O presente estudo teve como objetivo identificar marcadores microbiológicos nas fezes e no conteúdo ruminal de ovinos resistentes e suscetíveis à infecção pelo nematoide *Haemonchus contortus* por meio de abordagens de associação e correlação de rede. Foram selecionados cordeiros extremos em termos de resistência (N = 10) e suscetibilidade (N = 11) por meio de fenotipagem (contagem de ovos por grama de fezes (OPG), volume globular (VG) e ganho médio diário de peso (GMD)) após dois desafios parasitários por infecção artificial com larvas infectantes de *H. contortus*. As fezes e amostras de conteúdo ruminal foram coletadas dos 21 cordeiros e sequenciadas para os genes codificadores do rRNA 16s bacteriano. A análise de associação usando o software Maaslin2 indicou que quatro e cinco variantes de sequência amplicon (ASV), no rúmen e nas fezes, respectivamente, podem estar ligados à variação do fenótipo do hospedeiro. A análise da rede de correlação, realizada pelo software WGCNA, identificou um módulo de ASVs nas fezes e dois módulos de ASVs no conteúdo ruminal, que estão significativamente associados à suscetibilidade animal. Os módulos apresentam um enriquecimento de ASVs relacionados à ordem Bacteroidales, em literatura associados à depleção do sistema imunológico, associados à infecção parasitária. O gênero patogênico *Treponema* foi relacionado à suscetibilidade parasitária em ambas as abordagens. O gênero *Prevotella* é o mais prevalente nos módulos de líquido ruminal e se correlaciona com a suscetibilidade. Nossos resultados corroboram com estudos prévios em que animais não parasitados apresentam menor abundância desse gênero. Nossos resultados permitem uma melhor compreensão de microrganismos que podem estar envolvidos na determinação do fenótipo em ovinos Morada Nova e sugerem potenciais microrganismos como alvos de intervenções e como biomarcadores de infecção por *H. contortus*.

Apoio financeiro: Embrapa

Área: Ciências Biológicas

Palavras-chave: Nematóides, Biomarcadores, Amplicon Sequencing Variants, Bactérias, Bioinformática.