

Diversidade genética de metanogênicas em novilhos Holandês-Gir¹

Matheus Coelho Lisboa Verassani de Souza², Shirley Motta de Souza³, Daniela Batista Oss⁴, Hilário Cuquetto Mantovani⁵, Fernanda Samarini Machado⁶, Mariana Magalhães Campos⁶, Thierry Ribeiro Tomich⁶, Luiz Gustavo Ribeiro Pereira⁷

¹O presente trabalho foi realizado com o apoio da Embrapa (Projeto PECUS-RumenGases), Fapemig, Capes e CNPq, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - Brasil: (a) Parte do projeto *Methanogenic Population and methane production in Brazilian dairy cows*, liderado por Luiz Gustavo Ribeiro Pereira (b) Parte do pós-doutorado da segunda autora, bolsista CNPq.

²Graduando em Zootecnia – Instituto Federal de Rio Pomba. Bolsista da CNPq. e-mail: matheusverassani15@gmail.com

³Pós-doutorando, Embrapa, Bolsista do CNPq. e-mail: motta.shirley@hotmail.com

⁴Pós-doutorando, Embrapa, Bolsista do CNPq. e-mail:

⁵Professor da Universidade Federal e Viçosa - UFV

⁶Pesquisador Embrapa Gado de Leite

⁷Orientador

Resumo: O objetivo deste estudo foi avaliar a comunidade de metanogênicas ruminais em novilhos mestiços (Holandês x Gir) alimentados com três níveis de consumo. Foram utilizados nove novilhos com peso vivo (PV) ao abate de 267 ± 68.8 kg. Os animais foram distribuídos aleatoriamente em três grupos de consumo, 1,3% e 1,8% do PV e *ad libitum*, com três animais cada. A dieta foi composta de silagem de milho e concentrado (59.6 e 40.4% na base da matéria seca). A produção de metano entérico foi mensurada em câmaras respirométricas de circuito aberto por dois períodos consecutivo de 24h. Para avaliar a diversidade filogenética da comunidade de Archaea no rúmen, 50 mL de líquido ruminal foi coletado no abate. O DNA foi extraído e processado pelo método *bead beating* e fenol clorofórmio. As amostras foram sequenciadas na plataforma MiSeq usando V3 kit de 2 x 300 ciclos, de acordo com protocolo padrão da Illumina. Os dados foram processados e analisados usando o software QIIME versão 1.9. No presente estudo, a análise de metagenômica mostrou baixa diversidade na população de Archaeas no rúmen. Foram encontrados um único filo nos três grupos (Eurychaeota), quatro classes e seis ordens. Entretanto a comunidade de Archaea foi dominada por membros de duas ordens Methanobacteriales e Methanomassiliicoccales. Dentro da ordem Methanobacteriales, os membros predominantes da comunidade metanogênica ruminal encontrados foram do gênero *Methanobrevibacter*, que respondeu por 94,2% de todos os dados de sequenciamento. Dietas *ad libitum* conferiram maior emissão de metano e maior representatividade da *Methanobrevibacter ruminantium* e menor da *Methanobrevibacter* sp. O estudo contribui para a melhor compreensão da composição da microbiota ruminal em condições tropicais e com conhecimento que no futuro poderá ser utilizado para o desenvolvimento de estratégias de mitigação de metano.

Palavras-chave: 16S rRNA, gases do efeito estufa, microbiota, microbiologia, rúmen