

Bactérias podem servir de biomarcadores no gado



[Clique aqui para abrir a imagem](#)

Pesquisa realizada na **Embrapa Pecuária Sudeste**, de São Carlos (SP), conseguiu avaliar a contribuição de bactérias para a emissão de metano de bovinos da raça Nelore e na eficiência alimentar desses animais. À equipe coordenada pela pesquisadora Luciana Regitano e envolvendo instituições de pesquisa do Brasil e do exterior testou se os componentes do microbioma ruminal e fecal dos animais poderiam ser usados como biomarcadores para esses fenótipos ou ainda serem focos em intervenções científicas.

No estudo, foram avaliadas amostras de 52 touros durante 105 dias. Os bovinos foram divididos em dois grupos de tratamento no confinamento na Fazenda Canchim, sede da **Embrapa Pecuária Sudeste**. Um contou com dieta convencional e outro com nutrição baseada em subprodutos.

'Estamos tentando saber se, usando a informação sobre o tipo de microrganismos abrigado pelo animal, conseguimos melhorar seu perfil de eficiência alimentar e emissão. Para isso, identificamos associações entre componentes do microbioma dos bovinos e a emissão residual de metano. No entanto, a principal descoberta foi encontrar marcadores do perfil de emissão no microbioma usando amostras de fezes bovinas', conta Luciana Regitano. Geralmente, os estudos utilizam amostras do rúmen dos animais, o que é muito mais difícil e invasivo.

A pesquisa identificou um total de 5.693 variantes de sequência de amplicon (ASVs ou sequências de DNA individuais) nos microbiomas dos touros. Uma análise mostrou 30 ASVs bacterianos e 15 arqueais (tipo de microrganismo) como diferencialmente abundantes (DA) entre os dois tratamentos alimentares. Outra avaliação indicou que os ASVs bacterianos estão ligados à emissão residual de metano do hospedeiro e à variação do fenótipo de consumo alimentar residual, sugerindo potencial como alvos para intervenções ou, ainda, biomarcadores para esses fenótipos.

'Acessamos a informação do microbioma bovino por meio de uma técnica que permite fazer muitas cópias de uma região específica do DNA dos genomas das bactérias e arqueias e sequenciá-las. Esses pedacinhos amplificados e sequenciados, que chamamos de ASVs, compreendem nossas unidades de análise'.

Por exemplo, o estudo constatou duas sequências de DNA individuais de bactérias relacionadas ao fenótipo de emissões de metano. No microbioma ruminal, uma ASV pertencente ao gênero *Solobacterium* foi detectada como mais abundante nos touros com altas taxas de emissões. No microbioma fecal, a ASV do gênero *Alistipes* está ligada à redução de emissões.

Já no que diz respeito ao consumo alimentar, foram identificadas quatro ASVs bacterianas no rúmen, três delas associadas à ineficiência alimentar e uma a maior eficiência. Ainda, uma ASV relacionada à eficiência e outra à ineficiência alimentar no ambiente fecal dos animais.

De acordo com Regitano, o trabalho de coleta e avaliação será ampliado em uma parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) para a amostragem ser mais representativa da raça Nelore no País. (Agência **Embrapa**)

Assuntos e Palavras-Chave: Matérias com Citação da Embrapa - Embrapa, Embrapa Pecuária Sudeste