

V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

Anais 2025

12 à 15 de Agosto

ISBN: 978-85-7846-640-4

Realização:



PÓS-GRADUAÇÃO EM
MICROBIOLOGIA
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE LONDRINA



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA



Os autores dos resumos são inteiramente responsáveis pela veracidade das informações. A Comissão Científica não se responsabiliza pela revisão ortográfica e gramatical dos resumos.

Todos os autores concordam com a publicação dos resumos aceitos nos Anais do **V Congresso Paranaense de Microbiologia**, sem quaisquer ônus ou reivindicações referentes a direitos autorais.

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)

V Congresso Paranaense de Microbiologia
(08. : 2025 : Londrina, PR)
Anais: V Congresso Paranaense de Microbiologia
[livro eletrônico] : anais: V CPM / comissão
organizadora Sérgio Paulo Dejato da Rocha,
Victor Hugo Montini. -- 5. ed. -- Londrina, PR :
UEL, 2025.

Vários autores.
Vários organizadores.
ISBN 978-85-7846-640-4

1. Bacteriologia 2. Biotecnologia 3. Micologia
4. Microbiologia 5. Parasitologia I. Rocha, Sérgio
Paulo Dejato da. II. Montini, Victor Hugo.

25-311938.0

CDD-579

Índices para catálogo sistemático:

1. Microbiologia 579

Henrique Ribeiro Soares - Bibliotecário - CRB-8/9314

O V CONGRESSO PARANAENSE DE MICROBIOLOGIA

O Congresso Paranaense de Microbiologia (CPM) consolidou-se, ao longo de suas edições, como um pilar fundamental para a comunidade científica do nosso estado, estabelecendo-se como um fórum de excelência para a disseminação do conhecimento, o fomento de novas colaborações e a formação de futuras gerações de microbiologistas. Com uma rica história de encontros memoráveis, o CPM celebra a diversidade e a profundidade de uma ciência que permeia desde a saúde humana e ambiental até a inovação na indústria e na agricultura.

Nesta V edição, realizada entre os dias 12 e 15 de agosto de 2025, na Universidade Estadual de Londrina (UEL), a tradição de excelência foi reafirmada e projetada para o futuro. O evento reuniu estudantes, pesquisadores e profissionais, que puderam imergir em discussões de vanguarda com renomados palestrantes de âmbito nacional e internacional. Esta edição foi também marcada pela apresentação da nova identidade visual do CPM, um design que passa a ser fixo e que consolidará a imagem do congresso para todas as suas futuras edições.

É com profundo respeito que dedicamos esta edição do congresso *in memoriam* à **Professora Dra. Shiduca Itow Jankevicius**, que nos deixou em 2023. Sua inestimável contribuição à microbiologia e à nossa comunidade acadêmica será sempre lembrada e reverenciada.

Outro marco de particular significância e orgulho foi a solene instituição da láurea "**Mérito Perene de Excelência Acadêmico-Científica Dra. Mariângela Hungria**". O legado de dedicação incansável e as contribuições pioneiras da homenageada à microbiologia brasileira inspiram e continuarão a inspirar gerações de cientistas. Esta comenda, mais do que um prêmio, é o reconhecimento perene de um impacto que transcende publicações e molda o futuro de nossa ciência.

O sucesso do V Congresso Paranaense de Microbiologia é um reflexo do esforço coletivo da comissão organizadora, do apoio de nossos patrocinadores, da genialidade de nossos palestrantes e, fundamentalmente, do entusiasmo e da participação de cada congressista. Agradecemos a todos que contribuíram para a realização deste notável encontro e renovamos nosso compromisso com o avanço da ciência microbiológica no Paraná e no Brasil.

Que as sementes do conhecimento aqui plantadas floresçam em novas pesquisas, colaborações e descobertas.

Atenciosamente,

A Comissão Organizadora



PATROCINADORES



APOIO



Comissão Organizadora

Dr. Sérgio Paulo Dejato Da Rocha – Coordenador Do VCPM

Victor Hugo Montini – Representante de Discentes.

Alaor Martins Da Silva

André Luiz Dyna

Bruna Marcela De Lima

Gabriel Henrique Maximino Santos

Gabrielle Modesto Maroni

Gislaine Da Silva Rodrigues

Isabela Madeiro De Castro

Isabella Maria Tomaz Bissochi

Leonardo Dib De Sousa Abussafi

Lucas Felipe Dos Santos

Maria Luiza Francisconi Lubanco Thomé

Mariana Homem De Mello Santos

Natália Yukari Kashiwaqui

Paulo Henrique Guilherme Borges

Stefani Fabiola Alarcon

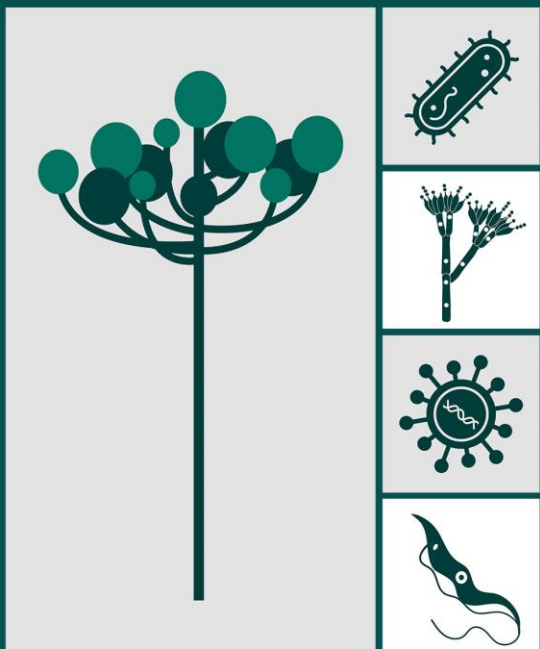
Thiago Hideo Endo

Gustavo Eidy Sasak

Mariana Rosado Gonçalves

Walter Luiz Candido Closs

Pedro Henrique Takata



V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

13/08

07h às 07h50

CREDENCIAMENTO – Será realizado na entrada principal do Anfiteatro Cyro Grossi.

08h00 às 09h00

Dra. Carla Romano Taddei – “Microbiota: influência na modulação da saúde”

09h10 às 10h10

Dr. Dayvison F S Freitas – “A esporotricose no Brasil: epidemiologia e perspectivas clínicas”

10h10 às 10h35 - *coffee break*

10h40 às 11h40

Dra. Maria Cristina B Tognim – “Resistência bacteriana: Uma pandemia silenciosa”

11h50 às 12h50

Dra. Cybele Garcia – “Arboviroses nas Américas e no Mundo: Enfrentando desafios globais no controle e prevenção de quadros graves”

14/08

08h às 09h

Dr. Eduardo Castan – “PCR em tempo real: da extração à aplicação”

09h10 às 10h10

Dra. Maria N C Soeiro – “Estudos *in silico*, *in vitro* e *in vivo* de novos candidatos a fármaco para terapia de doenças de chagas”

10h10 às 10h35 - *coffee break*

10h40 às 11h40

Dr. Emanuel Maltempi de Souza – “Regulação da fixação do Nitrogênio: Da bancada à aplicação em biofertilização”

11h50 às 12h50

Dra. Fabiana G M Gasparin – “Fungos de interesse biotecnológicos”

12h50 às 14h - Almoço

15/08

08h às 09h

Dra. Fernanda T Pellissier – “Alternativas farmacológicas utilizando compostos sintéticos e naturais no tratamento de *Leishmaniose tegumentar*”

09h10 às 10h10

Apresentação Oral – “ Será realizada no Anfiteatro Cyro Grossi. As normas e os modelos estão disponíveis no site oficial do evento.”

10h10 às 10h35 - *coffee break*

10h40 às 11h40

Dr. Luciano Aparecido Panagio – “Fungos Filamentosos: A chave para uma nova economia circular”

11h50 às 12h50

Dr. Jansen de Araujo – “H5N1 e H1N1: Ameaças Globais em Expansão – Contágio, prevenção e quadros de risco em pandemias emergentes”

12/08

08h às 12h

MINICURSOS – As salas e os laboratórios destinados aos minicursos serão informados previamente.

12h às 14h - Almoço

14h às 17h

MINICURSOS – As salas e os laboratórios destinados aos minicursos serão informados previamente.

17h30 às 18h15

CREDENCIAMENTO – Será realizado na entrada principal do Anfiteatro Cyro Grossi.

18h30 às 20h30 - CÊRIMONIA DE ABERTURA

PALESTRA DE ABERTURA: Dra. Poliane Zerbini
"Co-evolução e Interações Dinâmicas: Parasito-Hospedeiro e as Redes Microbianas entre Vírus, Bactérias, Protozoários e Fungos"

COQUETEL DE ABERTURA

12h50 às 14h - Almoço

14h00 às 16h10

Apresentação e Avaliação de Banners – Será realizado na Central de Salas do CCB.

16h10 às 16h35 - *coffee break*

16h40 às 17h40

Dra. Patrícia S B Mendonça e Dra. Érica S K Cotica – "Infecções de *Candida* sp. e o atual cenário no tratamento dessas infecções"

17h50 às 18h50

Dra. Rosilene F Cardoso – “*Mycobacterium tuberculosis*: o antigo vilão e as novas estratégias de combate”

14h às 15h

Dra. Letusa Albrecht – "Imunopatogenicidade, diagnóstico e vacinas para infecções causadas por protozoários do filo *Apicomplexa*: Malária e Toxoplasmose"

15h10 às 16h10

Dra. Cristiane A Ottoni – “Fungos Filamentosos na biodegradação de polímeros e poluentes ambientais”

16h10 às 16h35 - *coffee break*

16h40 às 17h20

Dr. Diego Meurer Fernandes – “Experiências e desafios no uso, aplicação e produto de bioinsumos”

17h20 às 18h00

Dr. Henrique Garcia Rocha – “Reflorestamento ambiental via processos regenerativos”

18h00 às 18h50

Dr. Marco A Nogueira – “ Insumos biológicos para uma agricultura sustentável”

12h50 às 14h - Almoço

14h às 15h

Dra. Kelly Ishida – “Nanopartículas como carreadores de antifúngicos no tratamento de infecções fúngicas"

15h10 às 16h10

Dra. Lysangela R Alves – “Modulação da expressão gênica da célula hospedeira na interação com *Candida auris*"

16h10 às 16h35 - *coffee break*

16h40 às 17h40

Dra. Andressa Polli – "Nanobiocompósitos: microrganismos associados a nanopartículas com aplicações biotecnológicas"

17h50 às 20h00 - CÊRIMONIA DE ENCERRAMENTO

PALESTRA DE ENCERRAMENTO: Dra. Tatiana Ometto
"Do Sirius ao NB4: Arquitetando o Primeiro Complexo de Biossegurança Máxima da América Latina"



MELHORES TRABALHOS

1º - DANIELLE AMANDA NIZ ALVAREZ - Perfil do bacterioma oral de pacientes submetidos ao transplante alogênico de medula óssea e correlação com desfechos pós-transplante.

2º - ROMÁRIO DA SILVA SANTANA - Mecanismos de promoção do crescimento vegetal de isolados do fungo ectomicorrízico *Pisolithus microcarpus*.

3º - THIAGO FRANÇA SOARES - Otimização de qPCR para quantificação de *Clostridium spp.*

4º - GABRIELA DONINI CESÁRIO - Identificação molecular de *Sctuvirus chelonidalpha5* em tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*) de vida livre no Brasil.

5º - LUANA CARVALHO SILVA - Sequências de inserção do gene *blakpc-2* em *Proteus mirabilis* isolados de hortaliças comercializadas na cidade de Londrina, paran , Brasil

MELHORES P STERES

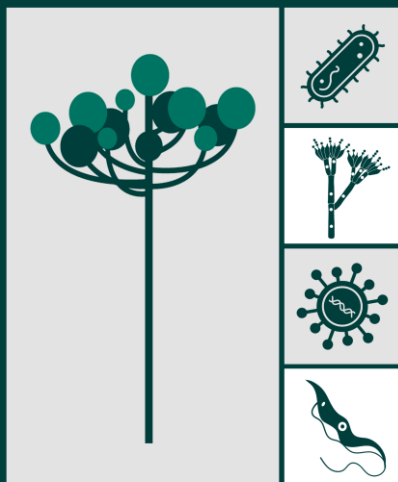
Danielle Amanda Niz Alvarez - Perfil do bacterioma oral de pacientes submetidos ao transplante alog nico de medula  ssea e correla  o com desfechos p s-transplante.

Giulia Viana Sabino - An lise da estabilidade de sistemas de biodescolora  o de azo-corantes.

Kawany Roque Basso - Influ ncia de diferentes concentra  es de l-triptofano na produ  o de metab lito antif ngico por burkholderia metallica contra *Rhizoctonia solani*

Ma sa Fabiana Menck-costa - Nanop rticula de prata biog nica como moduladora do eixo intestino-pulm o em frangos de corte desafiados com apec.

Rafaela F tima Lima Da Silva - Avalia  o da atividade antibacteriana de  leos essenciais de laranja contra *Alicyclobacillus spp.*



V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

RESUMOS

INOVAÇÃO E BIOTECNOLOGIA



Análise da estabilidade de sistemas de biodescoloração de azo-corantes

Giulia Viana Sabino¹; Giovani Piedade Sanches¹; Amanda Aleixo Moreira¹; Luis Eduardo de Souza Gazal¹; Wilson Frantini¹; Luciana Furlaneto-Maia²; Marcia Cristina Furlaneto³; Emanuele Julio Galvão de França¹

¹Universidade Estadual do Norte do Paraná - Cornélio Procopio

²Universidade Tecnológica Federal do Paraná

³Universidade Estadual de Londrina

E-mail: giuliasabino@gmail.com

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A liberação de efluentes industriais contendo corantes sintéticos, especialmente da classe dos azo-corantes, constitui um desafio grande ambiental, tendo em vista sua toxicidade à vida aquática e terrestre. Quando descartados inadequadamente, alteram a transparência da água, comprometem a fotossíntese aquática e afetam negativamente ecossistemas. A biorremediação microbiana tem se consolidado como uma alternativa viável, eficiente e sustentável aos tratamentos físico-químicos tradicionais de efluentes têxteis. O uso de consórcios bacterianos imobilizados em matrizes poliméricas pode potencializar processo de descoloração, facilitando o manuseio e reutilização dos microrganismos. Este trabalho teve como objetivo avaliar a estabilidade de sistemas biológicos de descoloração têxtil frente ao tempo e temperatura de armazenamento. Foram avaliados dois sistemas biológicos que reconhecidamente apresentam elevado potencial biodescolorante. Cada sistema constitui-se de cápsulas poliméricas contendo consórcios bacterianos encapsulados. A composição química e biológica de cada sistema encontra-se sob sigilo por fins de patente. As cápsulas foram armazenadas sob duas condições: temperatura ambiente ($25 \pm 2^\circ\text{C}$) e ultrafreezer (-80°C), e a capacidade descolorante foi avaliada nos períodos de 15, 30, 50 e 90 dias de armazenamento. A solução corante foi composta por mistura de três azo-corantes têxteis (vermelho, azul e amarelo reativo) em água, em concentração final de 50 mg/L cada. O ensaio foi conduzido inserindo-se uma cápsula para 20 mL da solução de corante. A eficiência de descoloração foi monitorada por espectrofotometria em 550 nm após 24 horas de contato com a cápsula. Para os controles positivos utilizou-se sistemas recém sintetizados (ausência de tempo de armazenamento) e para os controles negativos utilizou-se de cápsulas constituídas pelos mesmos polímeros, mas sem a presença das bactérias. As análises foram realizadas em triplicata para cada tempo e condição. Os dados foram submetidos à análise estatística (ANOVA), a qual indicou que os dois sistemas avaliados mantiveram o elevado potencial de descoloração independente da condição, não havendo diferença significativa entre o controle com relação aos tempos ou temperaturas de estocagem ($p > 0,05$). Os resultados mostraram que as cápsulas mantêm sua estabilidade e atividade biológica mesmo após 90 dias de estocagem. Estes sistemas apresentam alta eficiência de descoloração e os presentes resultados indicam que são promissores para aplicação em tratamentos de efluentes industriais. A utilização de cápsulas poliméricas microbianas representa, portanto, uma abordagem sustentável e inovadora no contexto da biorremediação de corantes têxteis.

Palavras-chave: biorremediação, sustentabilidade, inovação

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Avaliação de viabilidade de cepas de *Bacillus subtilis* sob conservação refrigerada: análise comparativa de métodos quantitativos

David Borovicz Carvalho da Silva de Jesus¹; Analice Timoteo de Araujo¹; Pedro Rondon Werneck¹; Aldi Feiden¹; Altevir Signor¹

¹Grupo de Estudos de Manejo em Aquicultura - GEMaQ, Universidade Estadual do Oeste do Paraná - UNIOESTE

E-mail: david.jesus@unioeste.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

Para avaliação da eficiência da conservação de células de microrganismos, são necessários aplicar técnicas de contagem e avaliação de células viáveis, tanto qualitativos como quantitativos de cultura microcelular. Diante da problemática, o presente estudo tem objetivo de comparar dois métodos quantitativos denominados Spread Plate (espalhamento) e Steak Plate (estriamento), para avaliar cepas de *Bacillus subtilis* armazenadas sob refrigeração. A amostra da cepa bacteriana foi estocada em frasco âmbar esterilizado, acondicionado em recipiente isotérmico e transportado para o núcleo do Grupo de Estudos de Manejo em Aquicultura – GEMaQ, onde foram devidamente armazenados sob refrigeração, para posteriormente submetido a análises de viabilidade bacteriana no laboratório de microbiologia da Universidade Estadual do Oeste do Paraná – Toledo, onde foram testadas duas metodologias de plaqueamento. Foi retirado da amostra da cepa bacteriana um volume de 1 ml, a partir deste volume, foram realizadas diluições seriadas até 10^{-10} , transferindo-se 1 ml para 9 ml de solução de NaCl 0,85% esterilizada. Para a realização da técnica de espalhamento (Spread Plate), inoculou-se 0,1 mL de cada diluição seriada da cepa bacteriana a ser quantificada sobre a superfície de *Agar Nutrient*, distribuindo-se o inóculo de forma homogênea com o auxílio de uma alça de Drigalski estéril, a fim de evitar danos ao meio de cultura. A partir dessas diluições, foram coletadas alíquotas específicas que foram submetidas ao processo de estriamento (Steak Plate) em placas contendo *Agar Nutrient*, utilizando-se alça de platina bacteriológica esterilizada. As placas foram incubadas a 37°C por 24 horas, permitindo o crescimento adequado das colônias. Posteriormente, realizou-se a contagem das unidades formadoras de colônias (UFC) nas placas correspondentes às diluições de interesse, geralmente aquelas que apresentaram entre 25 e 250 colônias, garantindo maior precisão na quantificação. O número final de bactérias por mililitro foi calculado com base na contagem de colônias visíveis, no volume inoculado e no fator de diluição respectivo. Os resultados evidenciaram diferenças significativas entre os métodos. O método Spread Plate resultou em uma média de $1,58 \times 10^8$ UFC/mL, enquanto o Streak Plate apresentou média de $1,10 \times 10^5$ UFC/mL na diluição 10^{-5} . Ambas as metodologias apresentaram melhor resultado (contagem interpretável e crescimento viável) nesta mesma diluição. O presente estudo evidencia que, para fins quantitativos, o método Spread Plate se mostra mais eficiente na contagem de UFC de *Bacillus subtilis* sob condições de refrigeração, especialmente em diluições elevadas. O método de estriamento, por sua vez, deve continuar sendo empregado preferencialmente para fins qualitativos e de isolamento microbiológico.

Palavras-chave: *Bacillus spp.*, plaqueamento, viabilidade, cepa bacteriana

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES

Avaliação do efeito de um metabólito de *Burkholderia metallica* na supressão de *Rhizoctonia solani* em plantas de feijão sob condições de casa de vegetação

Stefani Fabiola Alarcon¹; Kawane Roque Basso¹; Kathlen Giovana Grzegorzczak¹; Lucas Karpinski Risson¹; Stephany Aiko Nakahira Uchima¹; Juliane Izidio Rogenski¹; Galdino Andrade Filho¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: stefani.fabiola@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A busca por alternativas sustentáveis ao controle químico de fitopatógenos tem impulsionado a investigação de metabólitos microbianos com potencial antifúngico. Este trabalho avaliou a atividade de um metabólito produzido por *Burkholderia metallica* cepa RV7S3 contra *Rhizoctonia solani*, agente causal de doenças radiculares e foliares em diversas culturas, incluindo o feijão (*Phaseolus vulgaris*). O metabólito foi obtido após cultivo da bactéria em meio batata dextrose líquido, sob agitação a 28 °C por 192 horas, seguido de extração líquido-líquido com diclorometano e concentração em rotaevaporador. O extrato foi reconstituído e aplicado na concentração de 50 µg/mL. Os ensaios foram conduzidos em casa de vegetação com plantas de feijão cultivadas em vasos, submetidas a cinco tratamentos: (i) controle negativo (sem infecção e sem metabólito); (ii) controle positivo (inoculação apenas com *R. solani*); (iii) aplicação do metabólito antes da inoculação do patógeno; (iv) aplicação do metabólito após a infecção; e (v) aplicação do metabólito sem inoculação do fungo (análise de fitotoxicidade). As plantas foram mantidas sob condições controladas de umidade e temperatura, e a avaliação foi realizada após sete dias. O controle positivo apresentou aproximadamente 80% da área foliar comprometida por sintomas de clorose, necrose e murcha. O controle negativo e o grupo tratado apenas com o metabólito não apresentaram sintomas, indicando ausência de fitotoxicidade. As plantas tratadas com o metabólito antes da infecção apresentaram, em média, apenas 5% da área foliar lesionada, evidenciando um efeito preventivo significativo do metabólito frente ao avanço da infecção. Já as plantas tratadas após o surgimento dos primeiros sintomas apresentaram cerca de 15% de área lesionada, demonstrando que o metabólito foi capaz de limitar a progressão da infecção, embora não tenha revertido os danos já estabelecidos. Esses resultados reforçam o potencial do metabólito produzido por *B. metallica* como agente de biocontrole contra *R. solani*, com ação preventiva e sem efeitos fitotóxicos, destacando-se como uma alternativa promissora para o manejo integrado de doenças no cultivo do feijão. O uso desse metabólito pode contribuir para práticas agrícolas mais sustentáveis, reduzindo a dependência de fungicidas químicos e mitigando impactos ambientais.

Palavras-chave: controle biológico, patógeno de solo, pirrolnitrina, agricultura sustentável

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Avaliação do potencial antioxidante de metabólitos secundários produzidos por fungos endofíticos isolados de *Handroanthus chrysotrichus*

Giovanna Mariana Déssio¹; João Gabriel Batista da Silva¹; Ana Paula Ascari Meurer Correia¹; Eduarda Cristina Koch¹; Emilli Carine Marcomini²; Claudinei Kremer Franco²; Gabrielle Caroline Peiter¹; Juliana Bernardi Wenzel^{1,2}

¹Curso de Medicina – Campus Toledo, Universidade Federal do Paraná – UFPR

²Programa de Pós-graduação em Biotecnologia, Universidade Federal do Paraná – UFPR – Setor Palotina

E-mail: giovannadessio@ufpr.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

Fungos endofíticos que são os que colonizam os tecidos vegetais recebendo proteção e nutrição, produzem diversos metabólitos secundários como alcaloides, compostos fenólicos, flavonoides, entre outros. As propriedades antioxidantes são relevantes no contexto do estresse oxidativo em células humanas, fenômeno que está relacionado com danos ao DNA e disfunção celular, importantes na fisiopatologia de diversas doenças como o câncer e doenças cardiovasculares. Assim como as demais plantas investigadas, o ipê-amarelo (*Handroanthus chrysotrichus*) contém fungos endofíticos que podem ser fonte de metabólitos secundários com propriedades bioativas. Diante disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o potencial antioxidante de metabólitos secundários produzidos por fungos endofíticos isolados de flores de *Handroanthus chrysotrichus*. Para a obtenção dos metabólitos secundários os fungos endofíticos (F1, F15, F16, F22, F29, F34, F36 e F39) foram cultivados em fermentação submersa sob agitação, em meio Batata Dextrose (BD) por 9 dias e, os metabólitos foram extraídos com acetato de etila, concentrados em evaporador rotativo, secos e ressuspensos em DMSO. A atividade antioxidante total determinada por meio da reação com o radical DPPH, utilizando leitura em espectrofotômetro em comprimento de onda de 550 nm. O conteúdo total de compostos fenólicos foi determinado usando Folin-Ciocalteu, com absorbância medida a 725 nm e o teor foi expresso como mg de equivalente de ácido gálico (EAG).L⁻¹. Já o conteúdo de flavonoides foi determinado usando a curva de calibração de quercetina e foi expresso como mg de equivalente de quercetina (EQ).L⁻¹, com absorbância medida em 425 nm. As análises foram realizadas em triplicata. Todos os metabólitos dos fungos endofíticos avaliados apresentaram atividade antioxidante. A taxa de eliminação de radicais livres dos metabólitos variou entre 16,71 e 56,37%. Para o conteúdo de compostos fenólicos totais os valores variaram de 27,32 a 92,71 (EAG).L⁻¹. Já para o conteúdo de flavonoides, foram obtidos valores entre 4,36 e 40,52 (EQ).L⁻¹. O conteúdo de compostos fenólicos totais em relação ao conteúdo de flavonoides indica possível presença de outros compostos antioxidantes. A presença desses compostos e atividade demonstrada indica que estes metabólitos de fungos são promissores para produção e utilização em processos/materiais que possam ser empregados para evitar o processo oxidativo que causa danos nas células.

Palavras-chave: Ipê-amarelo, compostos bioativos, radicais livres, compostos fenólicos, flavonoides

Apoio financeiro ou bolsa: UFPR, CAPES

Bacillus velezensis* LABIM179 como agente de controle de *Meloidogyne javanica

Daniel Vieira da Silva¹; Fauzze Guilherme de Mântova José¹; João Paulo de Oliveira²; Angelo Barreiro Garcia¹; Paula de Oliveira Gouveia¹; Eduardo Azevedo Lonardon¹; Lucas Moreira dos Santos¹; Andressa Cristina Zamboni Machado³; Santino Aleandro da Silva³; Admilton Gonçalves de Oliveira¹

¹Universidade Estadual de Londrina, Londrina, Paraná

²Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Cornélio Procopio, Paraná

³Agronema, Londrina, Paraná

E-mail: danielvieiradasilva23@gmail.com

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

O nematoide-das-galhas (*Meloidogyne javanica*) representa uma ameaça para diversas culturas de importância agrônômica, causando perdas de produtividade. O manejo biológico emerge como uma das estratégias mais promissoras para o controle de *M. javanica*, com destaque para produtos à base de bactérias do gênero *Bacillus*. Essas bactérias protegem as plantas, principalmente pela formação de biofilme, que impede a penetração do nematoide nas raízes. No presente trabalho, objetivou-se avaliar a capacidade de controle de *M. javanica* pela linhagem *Bacillus velezensis* LABIM179 na cultura de soja. Foram conduzidos quatro ensaios de controle em casa de vegetação. Em dois ensaios, utilizou-se o bionematicida comercial Votivo (BASF), tendo como princípio ativo um *Bacillus pumilus*, e outros dois ensaios empregaram o bionematicida comercial Arvatico (Syngenta), à base de *B. velezensis* como controle. Para o ensaio, a linhagem LABIM179 foi cultivada em frascos Erlenmeyer contendo meio MGG-N03, em incubadora de agitação orbital à 150 rpm por 48 horas. Após o cultivo, a concentração dos endósporos foi ajustada para 1×10^9 UFC/mL por diluição. Em seguida, foi realizado o tratamento das sementes de soja, na qual para os ensaios com Votivo, aplicou-se 250 mL/100 kg de semente, e para os ensaios com Arvatico, 100 mL/100 kg de semente. A semeadura foi realizada após os tratamentos. Sete dias depois, procedeu-se à inoculação dos juvenis infectantes de *M. javanica*. Os experimentos foram avaliados após término do ciclo reprodutivo do nematoide, que variou entre 40 e 60 dias. Para a avaliação, foi determinado o fator de reprodução do nematoide, calculado como a razão entre a população final e a população inicial, a partir do qual foi calculado o porcentual de controle. Os dados obtidos foram submetidos à Análise de Variância e, subsequentemente, ao teste de Scott-Knott ($p < 0,05$), utilizando o software R. No primeiro ensaio, a cepa LABIM179 proporcionou um controle de 76%, significativamente superior ao controle de 31% observado com Votivo. No segundo ensaio, o controle obtido com LABIM179 foi de 46%, enquanto Votivo apresentou 32%, sem diferença significativa entre eles. No terceiro ensaio, LABIM179 mostrou um controle de 20%, e Arvatico, 27%, sem diferença estatística. Contudo, no quarto ensaio, LABIM179 se destacou com 80% de controle, enquanto Arvatico não apresentou controle, com diferença significativa. Esses resultados corroboram a capacidade da cepa *B. velezensis* LABIM179 de controlar *M. javanica*, reforçando seu potencial biotecnológico para o desenvolvimento de um nematicida microbiológico.

Palavras-chave: nematicida microbiológico, nematoide-das-galhas, soja, fitonematoide, controle biológico

Apoio financeiro ou bolsa: FMC Química do Brasil, Agronema, CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Caracterização e formulação de *Methylobacterium mesophilicum* com potencial para uso como bioinsumo agrícola

Lucas Karpinski Risson¹; Cristina Calle Henao¹; Stefani Fabiola Alarcon¹; Erika Tyemi Goya Niekwa¹; Juliane Izidio Rogenski¹; Leonardo da Cruz Alves¹; Kawany Roque Basso¹; Cezar Augusto Simões Junior¹; Kathlen Giovana Grzegorzczak¹; Galdino Andrade Filho¹

¹Laboratório de Ecologia Microbiana, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: lucas.k.risson@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

Diante do crescimento populacional global, que poderá ultrapassar 9 bilhões de pessoas até 2050, estima-se a necessidade de aumentar em 70% a produção mundial de alimentos. Esse cenário tem intensificado significativamente o uso de fertilizantes minerais, elevando os custos de produção agrícola e agravando os impactos ambientais relacionados, como a contaminação do solo e da água, além da emissão de gases de efeito estufa. Nesse contexto, as bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCVs) surgem como alternativa sustentável, destacando-se pela produção de fitohormônios e outros mecanismos benéficos às plantas. Entre essas, o *Methylobacterium* sp. (R14E), pertencente ao grupo dos metilotróficos facultativos pigmentados de rosa (PPFMs), apresenta potencial endofítico e promotor de crescimento vegetal. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a cepa R14E, identificar seus mecanismos de promoção de crescimento vegetal e selecionar uma formulação que preserve sua viabilidade por longos períodos. A caracterização iniciou-se por meio de sequenciamento do gene 16S rRNA e avaliação do crescimento em caldo SPW a 28 °C, por 5 dias, em agitador orbital a 180 RPM. A curva de crescimento foi determinada por densidade óptica (600 nm) e contagem de unidades formadoras de colônia (UFC) a cada 12 horas, em triplicata, com controle estéril. Foram realizados testes de solubilização de fosfato e potássio, fixação de nitrogênio, produção de ácido indol-3-acético (AIA), sideróforos e enzima ACC deaminase, para investigar os mecanismos de promoção de crescimento vegetal. Foram avaliadas três formulações para preservação da viabilidade da cepa: (1) trealose, (2) glicerina e (3) emulsão oleosa, além de um controle sem aditivos. Todas as formulações receberam o mesmo inóculo, sendo monitoradas ao longo de um ano quanto à viabilidade, concentração celular e pureza microbiológica. O sequenciamento determinou a identidade da cepa como *Methylobacterium mesophilicum* R14E, que apresentou crescimento exponencial até 48 horas nas condições avaliadas e demonstrou diversos mecanismos de promoção do crescimento. Em relação à viabilidade, o controle manteve-se estável até o segundo mês, enquanto a formulação com glicerina preservou a cepa por até um ano, com desempenho superior às demais. As próximas etapas do estudo incluem avaliações da eficácia da cepa e da formulação em condições de casa de vegetação e campo, com vistas ao desenvolvimento de um bioinsumo comercial para uso na agroindústria.

Palavras-chave: bactérias promotoras de crescimento vegetal, interação planta-microorganismo, sustentabilidade agrícola

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Caracterização funcional de bactérias promotoras do crescimento vegetal tolerantes à seca para potencial aplicação em bioinsumos agrícolas

Cristina Calle Henao^{1,2}; Erika Tyemi Goya Niekawa¹; Leonardo da Cruz Alves¹; Lucas Karpinski Risson¹; Juan Carlos Bedoya Pérez²; Galdino Andrade Filho¹

¹Laboratório de Ecologia Microbiana, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Unidad de Fitosanidad y Control Biológico, Corporación para Investigaciones Biológicas, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia

E-mail: cristina.calle@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

As bactérias promotoras do crescimento vegetal (BPCV) são ferramentas biotecnológicas essenciais para promover uma agricultura sustentável, ao potencializar a nutrição vegetal, modular o crescimento, induzir tolerância ao estresse abiótico e antagonizar patógenos fitopatogênicos. Neste estudo, foram caracterizados funcionalmente 22 isolados bacterianos provenientes da coleção microbiana do laboratório de Ecologia Microbiana da Universidade Estadual de Londrina, com o objetivo de identificar cepas multifuncionais com potencial para bioinoculantes agrícolas adaptados a condições de estresse hídrico. Foram avaliadas capacidades biológicas relevantes, como solubilização de fósforo e potássio, fixação biológica de nitrogênio, produção de ácido indolacético (AIA), atividade de ACC desaminase, síntese de sideróforos e tolerância à seca simulada in vitro por polietilenoglicol (PEG 6000, -1,25 MPa). Além disso, analisou-se o antagonismo frente a fungos patogênicos radiculares (*Colletotrichum fruticola*, *Pythium* sp., *Rhizoctonia solani*, *Fusarium oxysporum* e *Macrophomina* sp.). Os resultados evidenciaram alta diversidade funcional entre os isolados. Quatro cepas (18%) solubilizaram fósforo e três (14%) solubilizaram potássio, dezessete (77%) cresceram em meios de cultura sem nitrogênio, e dezoito (82%) produziram AIA em concentrações entre 1,2 e 12,1 ppm. Catorze isolados (64%) sintetizaram sideróforos detectáveis, enquanto três (14%) exibiram atividade de ACC desaminase. Quinze cepas (68%) apresentaram antagonismo efetivo contra fungos fitopatogênicos, e cinco (23%) demonstraram tolerância significativa à seca in vitro. As cepas mais promissoras foram selecionadas para identificação molecular por sequenciamento do gene 16S rRNA, priorizando solubilização de fósforo e tolerância à seca. Destacaram-se *Priestia aryabhattai* (SCR05) e *Arthrobacter* sp. (GNM1), enquanto outros isolados, como *Kosakonia cowanii* (SG2), *Bacillus cereus* (SCRV1.1), *Pseudomonas aeruginosa* (SF4) e *Burkholderia pyrrocinia* (RV1R2), foram descartados devido ao potencial patogênico. Em conjunto, os resultados ressaltam o potencial agrônomo dessas BPCV multifuncionais para o desenvolvimento de bioinsumos personalizados, visando melhorar a produtividade de culturas sob estresse hídrico. A caracterização funcional aqui apresentada é um passo fundamental para a formulação de inoculantes microbianos mais eficazes e adaptados às condições locais. Estudos posteriores in planta, em casa de vegetação e campo, permitirão validar a eficácia das cepas selecionadas.

Palavras-chave: bactérias rizosféricas, mecanismos de promoção de crescimento, tolerância ao estresse, desenvolvimento de bioinsumos

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES

Citotoxicidade de metabólitos secundários de fungo marinho em linhagem celular de leucemia mieloide crônica: mecanismos de ação e toxicidade

Julya Emmanuela de Andrade Vieira¹; Camila Mariot¹; Julya Willig¹; Isadora Loureiro²; Vanessa Engers²; Karine Zimmer²; Alexandre José Macedo¹; Diogo André Pilger¹

¹Departamento de Análises Clínicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

²Instituto de Biociências, Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre

E-mail: julya.emmanuela@gmail.com

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A leucemia mieloide crônica (LMC) é uma neoplasia hematológica caracterizada pela expressão da oncoproteína quimérica BCR-ABL1 (Ph⁺), cuja patogênese envolve ativação constitutiva da tirosina quinase. O tratamento padrão inclui inibidores de tirosina quinase (ITQs), com destaque para o mesilato de imatinibe (MI). Contudo, a resistência adquirida e a intolerância aos ITQs representam desafios clínicos significativos, demandando o desenvolvimento de terapias alternativas eficazes. Produtos naturais, especialmente metabólitos secundários fúngicos (MS) produzidos por fungos marinhos, têm emergido como potenciais agentes antineoplásicos. Nesse sentido, o objetivo desse estudo foi avaliar os efeitos antiproliferativos, os mecanismos moleculares de ação e o perfil toxicológico dos MS em células K562, modelo *in vitro* de LMC. Foram selecionadas 20 cepas fúngicas da micoteca do Laboratório de Biofilmes e Diversidade Microbiana da UFRGS. Os fungos foram incubados para a biossíntese dos MS e, após esse período, foi realizado um *screening* nas células K562 com os três tipos diferentes extratos (aquoso, micelial e orgânico) produzido por cada cepa fúngica, utilizando a linhagem Vero como controle de citotoxicidade. Extratos com atividade antiproliferativa foram purificados e submetidos à diferentes ensaios, incluindo avaliação do mecanismo de morte celular por apoptose, genotoxicidade via ensaio de cometa e toxicidade *in vivo* em *Caenorhabditis elegans*, além de testes *in vitro* em hemácias humanas. Dos 60 extratos avaliados, apenas um demonstrou atividade antiproliferativa seletiva contra K562. A purificação resultou na identificação de um composto piridrocromeno, que induziu apoptose precoce semelhantemente ao MI, evidenciada pela ativação da caspase-3 e pela presença de corpos apoptóticos detectados por coloração DAPI. O composto exibiu efeito sinérgico com o MI em baixas concentrações. Danos ao DNA foram estatisticamente significativos nas células tumorais. Não foram observadas toxicidades em nenhum dos modelos avaliados. Os resultados indicam que os metabólitos secundários de fungos marinhos possuem potencial terapêutico promissor na leucemia mieloide crônica, destacando sua seletividade, baixa toxicidade e capacidade de reduzir doses, o que pode minimizar a resistência aos ITQs. Estes achados sugerem que os metabólitos secundários fúngicos podem representar uma nova classe terapêutica para o tratamento da LMC, com implicações clínicas relevantes e potencial para ampliar as opções terapêuticas frente à resistência medicamentosa.

Palavras-chave: apoptose, sinergismo, atividade antiproliferativa

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, INCT

Desenvolvimento de uma comunidade microbiana sintética por meio de modelagem metabólica genômica para potencializar a interação planta-microrganismo

Osiel Silva Gonçalves¹; Mateus Ferreira Santana²

¹Departamento de Biologia, Universidade Estadual do Centro-Oeste (Unicentro)

²Departamento de Biologia, Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Federal de Viçosa

E-mail: osiel.goncalves@unicentro.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A manipulação da comunidade microbiana da rizosfera por meio da inoculação de microrganismos benéficos tem se consolidado como uma estratégia sustentável e inovadora para promover o crescimento vegetal, melhorar a saúde do solo e aumentar a resiliência das plantas frente a estresses bióticos e abióticos. Nesse contexto, comunidades microbianas sintéticas, conhecidas como *SynComs* (do inglês, *Synthetic Microbial Communities*), têm sido amplamente estudadas por sua capacidade de mimetizar funções ecológicas das comunidades naturais, com a vantagem de um número reduzido e controlado de membros, permitindo maior reprodutibilidade e previsibilidade funcional. No entanto, a construção de *SynComs* eficazes exige uma compreensão profunda da ecologia microbiana do solo e uma seleção criteriosa de microrganismos compatíveis e funcionalmente relevantes. Neste estudo, tivemos três objetivos principais: (1) reconstruir redes metabólicas genoma-escala (GSMNs) para compreender a complementaridade metabólica entre espécies bacterianas e plantas hospedeiras; (2) definir uma comunidade mínima funcional; e (3) selecionar espécies-chave que preservem traços promotores do crescimento vegetal (PGPTs, *plant growth-promoting traits*). Para isso, empregamos modelagem metabólica multigenômica de 270 genomas metagenômicos montados (MAGs, *Metagenome-Assembled Genomes*), previamente recuperados dos Campos Rupestres. A definição dos compostos-alvo considerou metabólitos essenciais e compostos relevantes às interações planta-microrganismo, com base em modelos metabólicos de culturas como milho (*Zea mays*), cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*), sorgo (*Sorghum bicolor*) e soja (*Glycine max*). A identificação de genes associados a PGPTs foi realizada por meio do alinhamento das sequências proteicas dos MAGs utilizando as ferramentas BLASTP e HMMER, disponíveis no banco PGPT-Pred no banco de dados PLaBAs. Além disso, empregamos uma abordagem de ecologia reversa para inferir interações microrganismo–microrganismo e planta–microrganismo, com base na complementaridade e competição metabólica. A *SynCom* resultante incluiu seis simbiontes essenciais pertencentes a quatro filos: Cyanobacteria, Eremiobacterota, Proteobacteria e Verrucomicrobiota. Esses microrganismos apresentaram altos índices de complementaridade metabólica, baixa sobreposição competitiva e um conjunto diversificado de genes associados ao transporte, homeostase e degradação de fosfato (clusters *pho*, *pts* e *phn*), além da produção de sideróforos como enterobactina e micobactina (*ent* e *mdt*). Todas as espécies demonstraram potencial para promover a germinação vegetal via produção de H₂S e síntese de ácido indol-3-acético, além da capacidade de solubilizar potássio. Três delas também produzem GABA e protegem contra estresse osmótico por meio de osmólitos como glicina e betaina. Os resultados demonstram o potencial da integração entre genômica ambiental e modelagem metabólica para o desenho de comunidades microbianas sintéticas com aplicações em biotecnologia agrícola.

Palavras-chave: bioinformática, ecologia, microbiologia, PGPR, solo

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, FAPEMIG

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MICROBIOLOGIA – DEPARTAMENTO DE MICROBIOLOGIA
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE LONDRINA
RODOVIA CELSO GARCIA CID, PR445, KM 380 CAMPUS UNIVERSITÁRIO
CX. POSTAL 10.011 CEP 86057-970 – LONDRINA – PARANÁ

Efeito antibiofilme e antioxidante de metabólitos de fungos endofíticos isolados de *Handroanthus chrysotrichus* (Bignoniaceae)

Ana Paula Ascari Meurer Correia¹; Maria Luiza Campagnolo¹; Giovanna Mariana Dessio¹; João Gabriel Batista da Silva¹; Eduarda Cristina Koch¹; Emilli Karine Marcomini²; Juliana Bernardi-Wenzel^{1,2}

¹Curso de Medicina, Universidade Federal do Paraná – UFPR

²Programa de Pós-graduação em Biotecnologia, Universidade Federal do Paraná – UFPR – Setor Palotina

E-mail: ana.ascari@ufpr.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

Os fungos endofíticos são reconhecidos como fontes naturais de compostos bioativos, com aplicações promissoras no combate à resistência antimicrobiana e ao estresse oxidativo. Este estudo avaliou o potencial antibiofilme e antioxidante de metabólitos extraídos de um fungo endofítico (F53) isolado de flores de *Handroanthus chrysotrichus* (ipê-amarelo). O fungo F53 foi cultivado em meio Ágar Batata Dextrose (BDA) e os metabólitos secundários foram obtidos por fermentação submersa, utilizando acetato de etila para extração e dimetilsulfóxido (DMSO) para reconstituição. A determinação da concentração inibitória mínima (CIM) foi realizada por microdiluição em caldo contra *Escherichia coli* ACTT25922, *Pseudomonas aeruginosa* ACTT27853 e *Candida albicans* ACTT90028. Ademais, foram realizados ensaios para averiguar a concentração bactericida/fungicida mínima (CBM/CFM). A capacidade antibiofilme foi observada por microscopia eletrônica de varredura (MEV) em fragmentos de cateteres vesicais de látex siliconizado. Os cateteres foram submetidos a tratamentos com plasma descarga DBD volumétrica em “cortina” empregando 17 kV, 20 kHz e 100 W, posteriormente submersos nos metabólitos fúngicos e cultivados com as bactérias-teste para avaliar a formação de biofilmes. A citotoxicidade dos metabólitos foi avaliada em linhagem celular de fibroblastos L929 utilizando o kit CyQUANT MTT Cell Viability Assay Protocol (Invitrogen). Além disso, foi investigado o potencial antioxidante baseando-se na captação radical 2-2 difenil 1 picrilhidrazil (DPPH). Os resultados de CIM foram 1,28 mg/mL para *E. coli*, 2 mg/mL para *P. aeruginosa* e 2,6 mg/mL para *C. albicans*, indicando efeito bacteriostático e fungistático. Os metabólitos fúngicos apresentaram CBM em concentrações superiores a 12,8 mg/mL e CFM na concentração de 6,5 mg/mL. Para *E. coli*, e *P. aeruginosa*, a análise por MEV demonstrou que os metabólitos associados ao plasma não foram efetivos na inibição da formação de biofilmes. Em contraste, para *C. albicans*, a combinação do plasma de superfície e os metabólitos do fungo resultou na inibição total da formação de biofilmes. A análise de citotoxicidade demonstrou viabilidade celular de 86% na concentração de 1,28 mg/mL, 73% em 2 mg/mL e 70% na concentração de 2,6 mg/mL. Em relação a ação antioxidante, os metabólitos apresentaram taxa de redução de radicais livres de 50,96%, 63,88% e 72,57% nas respectivas concentrações de CIM. Observa-se, portanto, que os metabólitos do fungo endofítico F53 exibem potencial antibiofilme e antioxidante, principalmente contra *C. albicans* em cateteres tratados com plasma e metabólitos. Adicionalmente, a ausência citotoxicidade nas concentrações avaliadas, possibilita o uso para o revestimento de cateteres vesicais de demora ou outras abordagens terapêuticas, utilizando-se desse potencial bioativo.

Palavras-chave: compostos bioativos, antimicrobianos, cateteres vesicais de demora, biofilme, estresse oxidativo

Apoio financeiro ou bolsa: UFPR, CAPES

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MICROBIOLOGIA – DEPARTAMENTO DE MICROBIOLOGIA
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE LONDRINA
RODOVIA CELSO GARCIA CID, PR445, KM 380 CAMPUS UNIVERSITÁRIO
CX. POSTAL 10.011 CEP 86057-970 – LONDRINA – PARANÁ

Efeito bactericida e toxicidade seletiva de metabólitos de *Brevibacillus brevis* LABIM17 em patógenos relevantes

Laura Santana Buso¹; Victor Hugo Montini¹; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹; Admilton Gonçalves de Oliveira Junior²; Gerson Nakazato¹

17

¹Laboratório de Bacteriologia Básica e Aplicada, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório de Biotecnologia Microbiana, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: Laurasantana.buso@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

O aumento no relato de patógenos multirresistentes, especialmente aquelas pertencentes ao grupo ESKAPE, representa um dos principais desafios da saúde pública moderna. A diminuição da antibioticoterapia disponível tem impulsionado a busca por compostos alternativos, sendo os metabólitos microbianos uma fonte promissora. Dentre os microrganismos ambientais, destaca-se *Brevibacillus brevis*, uma bactéria Gram-positiva produtora de compostos com potencial antimicrobiano. Este estudo teve como objetivo avaliar a atividade antibacteriana e a segurança hemolítica do sobrenadante livre de células (SLC) produzido por *B. brevis* LABIM17, com foco em cepas comerciais representativas do grupo ESKAPE. O SLC foi obtido por fermentação líquida submersa durante 168 horas, seguido de centrifugação e filtração utilizando membranas de poros de 0,22 µm. As atividades antimicrobianas foram determinadas por microdiluição em caldo, para obtenção da Concentração Inibitória Mínima (CIM) e da Concentração Bactericida Mínima (CBM). A eficácia foi quantificada pelo índice CBM:CIM, sendo valores ≤ 4 indicativos de efeito bactericida e >4 de ação bacteriostática. As bactérias testadas foram *Escherichia coli* ATCC 25922, *Klebsiella quasipneumoniae* ATCC 700603, *Staphylococcus aureus* ATCC 25923, *Acinetobacter baumannii* ATCC 19606 e *Enterococcus faecium* ATCC 6569. Adicionalmente, foi avaliada a citotoxicidade do SLC por meio de ensaio de hemólise com eritrócitos humanos. O SLC apresentou ação bactericida contra *E. coli* ATCC 25922 (CIM 0,7812%; CBM 3,125%; índice 4) e *K. quasipneumoniae* ATCC 700603 (CIM 1,5625%; CBM 3,125%; índice 2). Para *S. aureus* ATCC 25923, observou-se atividade bacteriostática (CIM 1,5625%; CBM 6,25%; índice 4). *A. baumannii* ATCC 19606 apresentou CIM de 6,25%, mas a CBM não foi alcançada nas concentrações testadas, enquanto *E. faecium* ATCC 6569 foi resistente. Nos ensaios hemolíticos, não foram observados sinais de lise eritrocitária nas concentrações correspondentes à CIM e CBM, indicando baixa toxicidade. Conclui-se que o SLC de *B. brevis* LABIM17 exibe toxicidade seletiva com predominância de efeito bactericida e perfil de segurança adequado, representando um candidato promissor para desenvolvimento de novos antimicrobianos de origem microbiana.

Palavras-chave: metabólitos secundários, bioprocessos, toxicidade seletiva, ESKAPE

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Extração de violaceína de *Janthinobacterium lividum* e avaliação de sua ação antifúngica frente ao fitopatógeno *Fusarium verticillioides*

Amanda Lemos Ferraz de Almeida¹; Elisete Pains Rodrigues¹

18

¹LAGEM, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: amandalemos.ferraz@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A violaceína é um pigmento de coloração violeta produzido por bactérias como *Janthinobacterium lividum*, amplamente estudado por suas propriedades bioativas, incluindo atividades antimicrobiana, antiparasitária, antitumoral e principalmente antifúngica. Diante do crescente problema da resistência de microrganismos a compostos sintéticos, há um interesse cada vez maior em alternativas naturais e ambientalmente sustentáveis, como os metabólitos secundários microbianos. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo extrair a violaceína produzida por *J. lividum* e avaliar sua atividade antifúngica contra o fungo fitopatogênico *Fusarium verticillioides*, um agente de grande relevância agrícola por contaminar grãos, especialmente de milho, e produzir micotoxinas prejudiciais à saúde humana e animal. O extrato de violaceína foi obtido por extração alcoólica com uso de sonicação, a partir de cultura líquida de *J. lividum*. A cultura bacteriana apresentou absorvância de 1,000 a 750 nm, e o extrato final, 0,740. A concentração da violaceína no extrato foi estimada em 43,5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$, correspondente a 14,9 μg em 100 μL e 29,8 μg em 200 μL . Para os testes, quadrados de papel filtro estéreis foram embebidos com essas duas concentrações e aplicados em meio BDA (Batata Dextrose Ágar) previamente inoculado com *F. verticillioides*. As placas controle receberam apenas etanol 70%. Após incubação a 28 °C, os diâmetros das colônias fúngicas foram medidos nos dias 4 e 7. No controle, os diâmetros médios foram de 3,5 cm (dia 4) e 9,0 cm (dia 7). No tratamento com 100 μL , foram 3,5 cm e 8,0 cm, representando uma inibição de 11,1% no sétimo dia. Já com 200 μL , os diâmetros foram 3,5 cm e 6,5 cm, indicando inibição de 27,8%. Os experimentos foram realizados em duplicata, com resultados consistentes ($\pm 0,1$ cm). Esses resultados indicam um efeito antifúngico dose-dependente, reforçando o potencial da violaceína como agente biocontrolador. Por outro lado, os papéis controle não apresentaram qualquer halo de inibição, confirmando que o efeito observado está relacionado à presença da violaceína no extrato. Esses dados demonstram que a violaceína possui atividade antifúngica significativa frente a *F. verticillioides* e reforçam seu potencial como agente no controle biológico de fitopatógenos. Assim, este composto representa uma alternativa promissora para o manejo de doenças agrícolas causadas por fungos, podendo contribuir para práticas mais sustentáveis, com menor impacto ambiental e menor dependência de fungicidas sintéticos.

Palavras-chave: controle biológico, pigmento microbiano, antimicrobiano, sustentabilidade agrícola

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Funcionalização de micropartículas magnéticas com anticorpo anti-gp70 para potencial aplicação no diagnóstico da paracoccidiodomicose

Flávio Hiroshi Itano¹; Rafael Block Samulewski²; Luciano Naoki Yokoyama¹; Mario Augusto Ono¹; Eiko Nakagawa Itano¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Câmpus Apucarana

E-mail: flavio.hiroshi@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A funcionalização de nano e micropartículas magnéticas (NPM) com biomoléculas específicas tem despertado crescente interesse devido às suas aplicações promissoras na área biomédica, especialmente em diagnóstico e terapia. Neste trabalho, investigamos a modificação de micropartículas magnéticas de óxido de ferro (Fe_3O_4) revestidas com carboximetilcelulose (MPM-CMC) por meio da conjugação com o anticorpo monoclonal anti-gp70, com foco em sua aplicação no diagnóstico da paracoccidiodomicose, uma micose sistêmica endêmica na América Latina. As partículas foram sintetizadas pelo método da coprecipitação, utilizando $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ (0,05M) e $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ (0,10M) em 24ml de água destilada, com adição de 4ml de hidróxido de amônio 25% sob agitação vigorosa à temperatura de 40°C. A carboximetilcelulose de alta viscosidade (0,1 g) foi adicionada previamente para revestimento das partículas durante a síntese. A funcionalização com o anticorpo monoclonal anti-gp70 foi realizada utilizando os agentes de acoplamento EDC/NHS, visando garantir a ligação covalente entre os grupos funcionais da CMC e as cadeias laterais do anticorpo. A análise FTIR confirmou a presença de novas bandas na amostra funcionalizada (MPM-CMC-Antigp70), com destaque para o estiramento N-H em 3263 cm^{-1} e as vibrações características de ligações peptídicas: amida I ($\text{C}=\text{O}$, 1643 cm^{-1}) e amida II ($\text{N}-\text{H} + \text{C}-\text{N}$, 1519 cm^{-1}), atribuídas à presença do anticorpo anti-gp70 na superfície das partículas. Além disso, observou-se uma alteração na intensidade relativa das bandas associadas ao grupo carboxilato (1565 e 1394 cm^{-1}), sugerindo interação covalente entre os grupos funcionais da carboximetilcelulose e o anticorpo, possivelmente mediada pelo acoplamento via EDC/NHS. As bandas em 565 e 701 cm^{-1} , atribuídas às vibrações $\text{Fe}-\text{O}$, também apresentaram leve deslocamento, indicando possível reorganização da superfície das partículas após a funcionalização. A confirmação funcional da presença do anticorpo foi realizada por ensaio de ELISA. A densidade óptica média obtida para o grupo funcionalizado (MPM-CMC-Antigp70) foi de $1,093 \pm 0,226$, enquanto o grupo controle (NP-CMC) apresentou média de $0,715 \pm 0,115$. O teste t de Welch indicou uma tendência à significância estatística ($t = 2,59$, $p = 0,082$). Os estudos preliminares indicam a presença funcional do anticorpo anti-gp70 nas partículas, embora em quantidade possivelmente limitada, e reforçam a necessidade de otimização das condições de acoplamento para futuras aplicações diagnósticas.

Palavras-chave: *Paracoccidioides brasiliensis*, separação imunomagnética, anticorpos monoclonais

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Mapeando o genoma da cepa patogênica aviária invasiva *E. coli* BEN2908: genes envolvidos no metabolismo de açúcares, dicarboxilatos e nitrogênio como possíveis influenciadores da invasibilidade em ExPEC

20

Tobias Weber Martins¹; Angelina Trotereau²; Simone Iahnig-Jacques¹; Maxime Branger²; Raul Simon-Batista¹; Sebastián Houle³; Charles M. Dozois³; Daniel Brisotto Pavanelo¹; Fabiana Horn¹; Catherine Schouler²

¹Departamento de Biofísica, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil

²INRAE, Université de Tours, ISP, F-37380, Nouzilly, France

³INRS—Centre Armand-Frappier Santé Biotechnologie, Laval, Quebec, Canada

E-mail: webermartinst@gmail.com

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A *Escherichia coli* patogênica extraintestinal (ExPEC) causa doenças fora do intestino e inclui a *E. coli* patogênica aviária (APEC), importante agente de infecções bacterianas em aves. Entre seus vários tipos, a cepa BEN2908 se destaca por sua alta capacidade de invasão tanto em células humanas quanto de aves. Para investigar suas características genômicas, sequenciamos e montamos seu genoma (cromossomo e plasmídeo) e comparamos com 13 cepas de referência de *E. coli*, usando uma árvore filogenética de máxima verossimilhança e ferramentas de anotação online. A partir disso, selecionamos cinco cepas (APEC O1, IMT5155, χ 7122, K-12 MG1655 e AIEC LF82) para uma análise comparativa em anel. Essa análise revelou 23 regiões do genoma ausentes na cepa comensal K-12. Essas regiões foram depois anotadas usando as bases dos programas CD-Search, BLASTp e KEGG. Embora muitos dos genes previstos não tivessem anotações anteriores, vários mostraram semelhança com genes ligados à captação de açúcares, ao metabolismo de nitrogênio e ao transporte de ácidos dicarboxílicos. Quanto ao uso de carbono, algumas regiões codificam sistemas de captação de açúcares, como sistemas fosfotransferases (PTS), transportadores ABC e TRAP, além de possíveis reguladores de transcrição. Também foram encontradas enzimas isomerases junto a esses transportadores, que provavelmente ajudam a processar estes açúcares depois de captados. Além disso, em uma dessas regiões (GR 30) foi identificado um trecho de 16 kb, já descrito na cepa modelo APEC O1, contendo o gene *tkt1* (uma transcetolase). Diferente de outras transcetolases, Tkt1 parece participar na obtenção de nitrogênio a partir de peptídeos, como mostrado pela menor utilização de dipeptídeos em mutantes *tkt1*. Outros genes nessa mesma região indicam envolvimento na aquisição de nitrogênio via hidrólise de carbamato, de acordo com a via metabólica Rut, que quebra bases nitrogenadas (pirimidinas) para gerar amônia e CO₂. Genes semelhantes a enzimas que interagem com carbamato também foram encontrados em outras regiões, possivelmente contribuindo ainda mais para a liberação de nitrogênio. Além disso, outra região (GR 33) apresentou genes que podem contribuir para a produção de intermediários do ciclo do Ácido Tricarboxílico (TCA), incluindo transportadores e reguladores do processamento de ácidos dicarboxílicos. Esses achados sugerem adaptações metabólicas que podem colaborar com o potencial invasivo da BEN2908 e indicam novos genes candidatos para estudos futuros sobre a patogênese de ExPEC.

Palavras-chave: APEC, genômica, vias metabólicas

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, DGAL, COLIPHAVI

Nanopartículas de prata biogênicas como alternativa terapêutica contra isolados clínicos de *Acinetobacter baumannii* resistentes a carbapenêmicos

Valentina Alves e Silva¹; Victor Hugo Montini¹; Mariana Homem de Mello Santos¹; Helder Rodrigues da Silva¹; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹; Gerson Nakazato¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: valentina.alves@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

Acinetobacter baumannii é uma bactéria Gram-negativa integrante do grupo ESKAPEE, classificada pela Organização Mundial de Saúde (OMS) como patógeno de prioridade crítica, devido à resistência a carbapenêmicos. Este estudo teve como objetivo avaliar a atividade antimicrobiana de nanopartículas de prata biogênicas (Bio-AgNP), sintetizadas a partir de extrato vegetal, adquiridas pela empresa Gral Bioativos, frente à cepa de referência *Acinetobacter baumannii* ATCC 19606 e isolados clínicos, *Acinetobacter baumannii* Ab183 e *Acinetobacter baumannii* Ab846, provenientes do Hospital Universitário da Universidade Estadual de Londrina. A atividade antibacteriana foi determinada por meio do ensaio de microdiluição em caldo a fim de determinar a concentração inibitória mínima (CIM) e bactericida mínima (CBM) da Bio-AgNP. A faixa de concentração utilizada para determinar a CIM foi de 65,5µM – 1,95µM. A concentração bactericida mínima (CBM) foi realizada a partir do subcultivo de 10µL, em ágar Mueller-Hinton (MH), do conteúdo de poços que não obtiveram crescimento visível de células bacterianas e posterior incubação das placas por 24h a 37°C. A CBM foi determinada pela ausência de crescimento de colônias, sendo definida como a menor concentração capaz de matar 99,9% do inóculo final. Foi realizado o ensaio *time-kill* a partir da exposição das bactérias à Bio-AgNP, em intervalos de tempo de 0-4h alíquotas de 100µL foram retiradas e diluídas, posteriormente foram retirados 10µL e plaqueados em ágar MH para contagem de colônias bacterianas (UFC/mL). A determinação da inibição de formação de biofilme foi realizada adicionando 200 µL de inóculo bacteriano a 5x10⁵ UFC/mL diluído em caldo *Brain Heart Infusion* (BHI) suplementado com glicose e sucrose contendo Bio-AgNP em diferentes concentrações, em placas de 96 poços, com 6 repetições. A diminuição da biomassa do biofilme foi quantificada utilizando solução de cristal violeta de Hucker a 2%. Os valores de CIM para as cepas testadas variaram entre 3,90µM e 7,81µM, enquanto os de CBM variaram entre 7,81µM e 15,62µM. Observou-se inibição total da formação de biofilme nas concentrações equivalentes à CIM e CBM. As Bio-AgNP demonstraram elevado potencial antimicrobiano frente aos isolados clínicos multirresistentes testados, com inibição completa do crescimento bacteriano do isolado *A. baumannii* Ab183 em 2 horas de exposição, enquanto para *A. baumannii* ATCC 19606 e *A. baumannii* Ab846 a inibição ocorreu em 3 horas. Os resultados indicam que Bio-AgNP apresentam elevado potencial como agentes terapêuticos contra cepas multirresistentes de *A. baumannii*.

Palavras-chave: multirresistência, nanotecnologia, atividade antimicrobiana, síntese verde
Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Otimização de qPCR para quantificação de *Clostridium* spp.

Thiago França Soares¹; Nicole Ayumi Otake²; Laissa Emy Sakuma²; Eduardo Dias²; Barbara Gregio¹; Lucy Megumi Yamauchi¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹; Eliandro Reis Tavares¹

22

¹Programa de Pós-Graduação em Microbiologia, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Curso de Nutrição, Centro de Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: tavares.eliandro@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

Clostridium é um gênero heterogêneo de microrganismos comensais da microbiota intestinal, cuja flutuação na abundância relativa está intimamente relacionada ao desequilíbrio ecológico do ecossistema intestinal. Neste cenário, espécies do gênero *Clostridium* desempenham papel crucial na produção de ácidos graxos de cadeia curta, como o butirato, e sua redução durante a disbiose pode comprometer a integridade da barreira intestinal e modular negativamente a resposta imunológica. Por isso, métodos de detecção rápidos e específicos são essenciais para o monitoramento da abundância de *Clostridium* na microbiota intestinal, permitindo identificar variações populacionais com maior precisão e superar as limitações de sensibilidade e tempo associadas às culturas microbiológicas convencionais. Neste cenário, a técnica de PCR em tempo real (qPCR) emerge como uma ferramenta molecular importante que pode ser aplicada nessas investigações. Portanto, o presente estudo teve como objetivo central desenhar um par de oligonucleotídeos iniciadores específicos para o gene 16S rRNA e, padronizar todas as condições de uma qPCR, incluindo a análise por curva de dissociação, para a detecção confiável do gênero *Clostridium*. Durante a fase metodológica, o gene 16S do RNA ribossomal (16S rRNA) foi selecionado como alvo molecular, devido às suas regiões conservadas no gênero. Foram analisadas 33 sequências representativas de 33 espécies, obtidas do banco de dados GenBank e alinhadas no programa BioEdit, e, assim deduzida uma sequência consenso. A partir desta, um par de iniciadores foi desenhado com o auxílio da ferramenta OligoAnalyzer™. Para garantir a viabilidade da reação, um controle positivo sintético foi construído ao inserir a sequência correspondente ao *amplicon* em um plasmídeo pUC57. A padronização ocorreu em duas etapas metodológicas: primeiro, uma PCR convencional com gradiente de temperatura de hibridação (52°C a 62°C) foi executada para otimizar a temperatura desta etapa. Em seguida, as condições otimizadas foram transferidas e validadas por qPCR em um termociclador Rotor-Gene Q-series 5PLEX-HRM, em um volume final de 20 µL, contendo QuantiNova™ SYBR® Green PCR kit (Qiagen), 1 µM de cada oligonucleotídeo iniciador e 10⁶ cópias da construção sintética plasmidial. Uma curva de dissociação para determinar os picos de dissociação dos iniciadores foi obtida pelo aumento gradativo da temperatura em 0,5 °C, entre os valores de 60 °C e 99 °C. Os resultados da padronização foram conclusivos, permitindo determinar a temperatura de hibridação ótima de 58°C, que demonstrou eficiência e especificidade. As condições para a amplificação em tempo real foram estabelecidas com sucesso, utilizando 45 ciclos e 10⁶ cópias do controle positivo. Como perspectiva futura, a sensibilidade e especificidade do método serão determinadas, e sua aplicabilidade será validada utilizando DNA de amostras fecais humanas.

Palavras-chave: microbiota intestinal, gene 16S rRNA, curva de dissociação, detecção molecular

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Otimização do processo de fermentação submersa de *Monascus ruber* utilizando resíduos agroindustriais para produção de biopigmentos vermelhos

Lucas Zanin Santos¹; Nathan Aiko Hotta¹; Elisete Pains Rodrigues¹

23

¹Departamento de Bioquímica e Biotecnologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: lucaszanins@gmail.com

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A crescente demanda por corantes naturais impulsiona pesquisas por alternativas sustentáveis aos pigmentos sintéticos. Nesse contexto, biopigmentos microbianos surgem como opção promissora, especialmente quando sua produção é viabilizada por substratos de baixo custo, como resíduos agroindustriais. O uso de materiais como farelo de arroz, melaço e farelo de soja contribui para a economia circular, reduzindo impactos ambientais. Com isso, o objetivo do trabalho foi otimizar o processo de fermentação submersa do fungo *Monascus ruber* através da utilização destes resíduos. O fungo *Monascus ruber* foi cultivado em fermentação submersa sendo inoculado através de uma solução de esporos (10^7 / mL), com otimização de sua produção de pigmentos vermelhos por meio de diferentes concentrações de resíduos agroindustriais. Utilizou-se um Planejamento Central Composto Rotacional para testar a influência de três fatores: farelo de arroz, farelo de soja e melaço de soja. Foram conduzidos três ensaios, o primeiro com 19 experimentos com concentrações variando entre 4 e 8 g/L para os três resíduos, o segundo ensaio manteve-se a concentração fixa de melaço e farelo de soja (6 g/L), com variação do farelo de arroz de 8 a 20 g/L e por fim, o terceiro ensaio manteve farelo de soja e melaço entre 4 e 6 g/L e aumentou o farelo de arroz entre 17 e 23 g/L. Todos os ensaios tiveram suas condições de crescimento estabelecidas anteriormente, sendo elas temperatura de 28°C, agitação de 200 rpm e volume dos frascos a 150 mL. As análises foram conduzidas nos softwares RStudio e Jamovi, com foco em absorbância a 510 nm (pigmento vermelho), produção de biomassa e variação de pH final. Os resultados revelaram que o farelo de arroz foi o principal fator na produção de pigmentos, demonstrando efeito sinérgico quando combinado com concentrações intermediárias de melaço e farelo de soja. Em níveis altos (até 23 g/L), a produção de pigmentos vermelhos atingiu até 71,42 g/L, sem tendência de saturação, sugerindo que concentrações ainda maiores poderiam resultar em maior rendimento. O farelo de soja, por outro lado, teve influência limitada. Isso se explica pela composição do melaço de soja, rico em carbono e nitrogênio, que atendeu às exigências nutricionais do fungo. A utilização de resíduos agroindustriais, especialmente o farelo de arroz, mostrou-se altamente eficiente na otimização da produção de biopigmentos por *M. ruber*, permitindo alcançar elevadas concentrações de pigmento com baixo custo e impacto ambiental reduzido. O Planejamento CCR e as análises estatísticas foram fundamentais para identificar os parâmetros ideais de cultivo. O estudo evidencia o potencial industrial desses processos para substituir corantes sintéticos de forma econômica e sustentável.

Palavras-chave: sustentabilidade, economia circular, pigmentos, biotecnologia

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Síntese e caracterização de nano/micropartículas de óxido de ferro produzidas por um fungo filamentoso isolado do ambiente

Luciano Naoki Yokoyama¹; Flávio Hiroshi Itano¹; Rafael Block Samulewski²; Mario Augusto Ono¹; Eiko Nakagawa Itano¹

¹Universidade Estadual de Londrina

²Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Câmpus Apucarana

E-mail: itano@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

A síntese verde de nanopartículas metálicas tem se destacado como uma alternativa sustentável aos métodos físico-químicos tradicionais, por reduzir o uso de reagentes tóxicos e minimizar impactos ambientais. Neste estudo, relatamos a biossíntese de nano/micropartículas de óxido de ferro utilizando o sobrenadante de cultivo de um fungo filamentoso isolado do ambiente. Amostras de solo e de folhas foram coletadas no câmpus da Universidade Estadual de Londrina e em uma área de conservação no norte do Paraná. As amostras foram transferidas para meio ágar Sabouraud e incubadas à temperatura ambiente por 5 dias. A partir destas, foi selecionado um fungo filamentoso com potencial para produção de nanoestruturas. O cultivo foi realizado em meio líquido contendo sacarose 1% (m/v), extrato de Levedura 0,1% (m/v), MgSO₄·7H₂O 0,05% (m/v) e KH₂PO₄ 0,1% (m/v), proporcionando um ambiente rico em metabólitos secundários e enzimas capazes de atuar como agentes redutores e estabilizantes. Após o crescimento fúngico, o sobrenadante foi separado por centrifugação e filtração (0,22µm), sendo posteriormente incubado com solução de sulfato ferroso (FeSO₄) na concentração final de 10mM, resultando na formação de nano/micropartículas com coloração cinza e atração por ímã de neodímio — indicativo da presença de óxidos de ferro com propriedades magnéticas. A caracterização das partículas por espectroscopia no infravermelho com transformada de Fourier (FTIR) revelou bandas típicas das vibrações Fe–O, reforçando a presença de óxidos de ferro. A análise de tamanho por espalhamento dinâmico de luz (DLS) indicou uma distribuição majoritária (95,6%) com diâmetro hidrodinâmico médio de 1458 nm e índice de polidispersividade de 24,5%, sugerindo agregação ou recobrimento biológico. O potencial zeta médio foi de $-22,8 \pm 1,05$ mV, indicando estabilidade coloidal moderada. Essa estabilidade é provavelmente conferida por biomoléculas presentes no sobrenadante — como proteínas, ácidos orgânicos e polissacarídeos — adsorvidas à superfície das partículas. Os resultados confirmam a viabilidade do uso de fungos ambientais como ferramenta biotecnológica para a síntese verde de nanopartículas magnéticas. A presença de biomoléculas funcionalizadoras amplia o potencial dessas partículas em aplicações como remediação ambiental, liberação controlada de compostos e imunodiagnóstico. Este estudo reforça o valor da biodiversidade microbiana local como fonte para processos inovadores e sustentáveis em nanotecnologia e biotecnologia.

Palavras-chave: síntese verde, magnetita, nanopartículas magnéticas

Apoio financeiro ou bolsa: Superintendência de Ciência, Tecnologia e Ensino Superior (SETI), Fundação Araucária

Vesículas de membrana externa de *Burkholderia thailandensis* inibem biofilme de *Escherichia coli*

Maria Luiza Francisconi Lubanco Thomé¹; Natália Yukari Kashiwaqui¹; Mariane Ansoni Ferreira²; Angelica Maria Mazuera Zapata²; Camila Fernanda Rodero²; Valtencir Zucolotto²; Danielle Lazarin Bidoia³; Mirian Sumini¹; Gerson Nakazato¹; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Instituto de Física de São Carlos, Universidade de São Paulo – Campus São Carlos

³Departamento de Análises Clínicas e Biomedicina, Universidade Estadual de Maringá

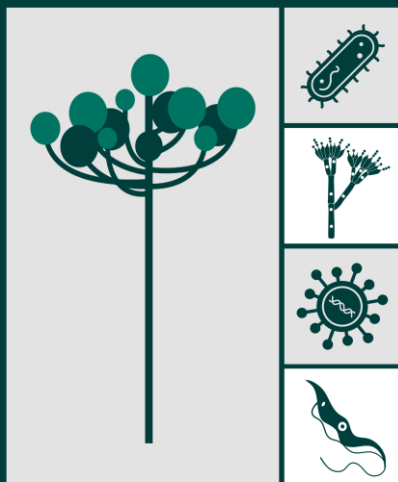
E-mail: marialuiza.lubanco@uel.br

Áreas de conhecimento: Inovação e Biotecnologia

Escherichia coli Enteroagregativa (EAEC) está associada a diarreias persistentes, especialmente em populações vulneráveis. Sua capacidade de formar biofilmes dificulta sua erradicação e contribui para a resistência ao tratamento antimicrobiano convencional. Este estudo investigou a atividade antibacteriana, antibiofilme e a citotoxicidade de vesículas de membrana externa (OMVs) de *Burkholderia thailandensis* E264 frente à cepa EAEC 042. As OMVs foram obtidas a partir do sobrenadante de cultura de *B. thailandensis* tratado com sulfato de amônio e purificadas por ultracentrifugação. A atividade antibacteriana foi avaliada por microdiluição em caldo, revelando uma redução de aproximadamente 1 log na contagem bacteriana na maior concentração testada. A atividade antibiofilme foi analisada por brometo de 3-(4,5-dimetiltiazol-2-il)-2,5-difeniltetrazólio (MTT) em dois modelos: inibição da formação (adição de OMVs junto à cultura) e destruição de biofilme pré-formado (tratamento após 24 horas de crescimento). As OMVs inibiram 95,86% da formação de biofilme e promoveram 88,55% de destruição do biofilme já estabelecido. Para avaliar a citotoxicidade, células VERO CCL-81 foram cultivadas e, posteriormente, foram tratadas com OMVs diluídas nas mesmas concentrações dos ensaios antibiofilme. A viabilidade celular foi avaliada pela redução do MTT, indicando que as OMVs não apresentaram citotoxicidade significativa. A redução da densidade bacteriana, embora modesta frente ao efeito sobre o biofilme, sugere que o principal mecanismo de ação das OMVs pode não ser bactericida direto, mas sim, de interferência na estrutura comunitária de EAEC. A inibição da formação de biofilme sugere que as OMVs interferem nos estágios iniciais de adesão e agregação bacteriana, possivelmente por ação de proteínas de membrana e enzimas hidrolíticas, enquanto a destruição do biofilme pré-formado indica que as OMVs atuam na desorganização da matriz extracelular. Em conjunto, os dados demonstram o potencial uso das OMVs de *B. thailandensis* E264 como agentes antibiofilme frente à EAEC 042.

Palavras-chave: ultracentrifugação, método de obtenção, compostos antibacterianos, citotoxicidade, *Escherichia coli* enteroagregativa

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária



V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

RESUMOS

MICROBIOLOGIA AMBIENTAL



Análise de qualidade microbiológica da água em amostras coletadas em Sertãoópolis – PR de fevereiro de 2024 a fevereiro de 2025

Gloria Carneiro¹; Kaique Barral Domingues¹; Luana Carvalho Silva¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Arthur Bossi do Nascimento¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: gloria.carneiro@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

A qualidade da água é um fator considerado extremamente importante para a sociedade, já que utilizamos dela para atividades como a lavagem de utensílios, até mesmo para o consumo próprio. É ideal que a água esteja dentro de parâmetros considerados ideais, e a presença de coliformes totais e *Escherichia coli* em amostras pode indicar que elas estejam contaminadas, e impróprias para consumo, podendo conter microrganismos potencialmente patogênicos. Este trabalho analisou o total de 130 amostras de água da cidade de Sertãoópolis, no Paraná, coletadas no decorrer de um ano, de fevereiro de 2024 até fevereiro de 2025 e analisadas através do método de Colilert. As amostras foram coletadas em frasco estéril e, dentro dessas 130 amostras, 39 eram tratadas (30%) e 91 (70%) não tratadas, e apenas 36 amostras eram de áreas urbanas (28%) enquanto 94 amostras eram de áreas rurais (72%). Dentre as amostras analisadas, 70 delas (53,8%) tinham a presença de coliformes totais, enquanto das restantes, 59 amostras (45,4%) constaram como coliformes ausentes, ainda uma (1) amostra (0,7%) constava como inviável e não foi feita a análise. Esses valores apontaram uma grande contaminação, onde mais da metade das amostras tinha a presença de coliformes. Em relação à presença de *E. coli*, bactéria diretamente ligada com a presença de coliformes e comumente encontrada em diversos ambientes, das 130 amostras, 96 (73,8%) deram ausentes, uma amostra não pode ser analisada por estar inviável e outras 33 amostras (25,3%) apontaram a presença desse microrganismo. O número é relativamente menor que o de coliformes, mas alguns dados, como por exemplo o ponto de coleta, mostram uma contaminação em nascentes, minas e poços, relativamente grande. 43 das amostras (33%) apresentaram resultados insatisfatórios, contra 86 satisfatórios (66%), entretanto, algumas delas (6 amostras, sendo 4,6% do total) apresentam resultados não satisfatórios levando em consideração parâmetros não analisados pela microbiologia. Um total de 49 amostras (37%) foram coletadas após chuvas na região, 15 delas apresentaram resultado insatisfatório, sendo 11,5% do total e 30,6% das coletadas em épocas chuvosas, indicando um agravamento da situação causado pelas chuvas. Ainda é possível analisar dados coletados da mesma região em épocas diferentes, como em um sítio da região que apresentou contaminação por *E. coli* em novembro, mas este mesmo não apresentava essa contaminação em julho. Essas análises mostram a importância de investigação contínua da qualidade da água, e tratamentos para garantir o abastecimento hídrico seguro para o consumo da população.

Palavras-chave: saúde pública, contaminação hídrica, saúde ambiental, tratamento de água, *Escherichia coli*.

Análise microbiológica da água na cidade de Rolândia – PR no período de maio de 2024 à maio de 2025

Joana Lopes Melero¹; Luana Carvalho Silva¹; Arthur Bossi do Nascimento¹; Beatriz Lerner Schoeps¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Bianca Mayumi Susuki¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Laboratório de Bacteriologia, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: joana.lopes.melero@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

A água destinada ao consumo humano deve atender rigorosamente aos padrões de qualidade estabelecidos, uma vez que é um recurso precioso, essencial na promoção da saúde. Nesse contexto, a contaminação da água devido a presença de microrganismos patogênicos, como coliformes totais e *Escherichia coli*, representa sérios riscos à saúde pública, estando fortemente associada à infecções gastrointestinais. Dessa forma, o monitoramento da qualidade microbiológica da água é fundamental para garantir a segurança sanitária da população. Diante da relevância do tratamento eficiente da água e a necessidade de assegurar o fornecimento de um recurso seguro e livre de agentes contaminantes, esse trabalho teve como objetivo avaliar a qualidade microbiológica de 230 amostras de água da cidade de Rolândia, Paraná, coletadas no período de maio de 2024 à maio de 2025. Para isso, cada amostra de água foi coletada em frascos esterilizados, contendo tiosulfato de sódio, os quais foram submetidos à técnica do substrato cromogênico Colilert® e os resultados foram analisados através do número mais provável (NMP). Das 230 amostras, 164 eram não tratadas e 66 tratadas com o percentual de 71,30% e 28,69%, respectivamente. Ainda em relação ao total de amostras, 133 (57,82%) foram consideradas insatisfatórias por apresentarem contaminação. Por outro lado, 97 (42,17%) foram satisfatórias, seguras para consumo humano. Referente às 133 amostras insatisfatórias, 54 (40,60%) apresentaram contaminação por coliformes totais. Contudo, 79 (59,39%) amostras apresentaram, além de coliformes totais, *E. coli*, indicando uma situação crítica quanto à qualidade da água analisada. Outro ponto relevante é que, de 230 coletas, 147 (63,91%) provinham de poços rasos ou artesianos, fontes, nascentes ou minas situadas em áreas rurais, em contraposição às 83 (36,08%) obtidas de torneiras e bebedouros. Dessas últimas, 22 (26,50%) apresentaram resultados insatisfatórios, enquanto 61 (73,49%) foram satisfatórias. Entretanto, 111 amostras provenientes de poços, fontes, nascentes ou minas revelaram um percentual de 75,51% com a presença de contaminantes, ao passo que 36 (24,48%) mostraram-se livres de contaminação. Esses dados demonstraram uma expressiva diferença nas condições da água na zona rural e aquela coletada em fontes como torneiras e bebedouros, destacando a necessidade urgente de tratamento adequado e proteção do recurso hídrico consumido nas regiões afastadas dos centros urbanos. Portanto, a análise eficiente microbiológica da água mostrou-se essencial na prevenção de doenças, principalmente, as causadas por enterobactérias, como a *E. coli*, para promoção da saúde e bem-estar da sociedade.

Palavras-chave: água tratada, água *in natura*, coliformes totais

Análise microbiológica de águas tratadas e não tratadas da cidade de Cambé no período de junho de 2024 e junho de 2025

Bárbara Helen Claro dos Santos¹; Luana Carvalho da Silva¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Bruna Larissa Covezzi¹; Arthur Bossi do Nascimento¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Laboratório de Bacteriologia, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: barbarahelenclara@edu.unifil.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

O acesso à água potável para consumo humano é um direito universal. Sua potabilidade é garantia de segurança para a população. A análise microbiológica da água é de extrema importância, tendo em vista que diversos fatores relacionados ao tratamento, a origem e às condições climáticas podem afetar até mesmo fontes caracterizadas como seguras para o consumo, possibilitando a veiculação de patógenos. A contaminação fecal, principalmente, pode ser identificada por meio da detecção de bactérias como coliformes totais e *Escherichia coli*, que estão comumente relacionadas a doenças como as gastroenterites. O tratamento, análise microbiológica, são essenciais para controlar fontes de possíveis contaminações, que, quando não tratadas e monitoradas, podem oferecer riscos à saúde da população. Diante disso, o presente estudo teve como objetivo avaliar a qualidade microbiológica de águas provenientes de diversas fontes, condições de tratamento e condições climáticas, no período de junho de 2024 a junho de 2025, na cidade de Cambé, PR. Para isso, foram realizadas análises microbiológicas de 226 amostras de água, utilizando o método de substrato cromogênico Colilert, sendo a grande maioria proveniente de sistemas com tratamento. Entre as amostras analisadas, 213 (94,25%) foram classificadas como satisfatórias, não apresentando presença de coliformes totais ou *E. coli*, enquanto 13 (5,75%) apresentaram resultados insatisfatórios, com detecção de coliformes e/ou *E. coli*. Todas as amostras provenientes de sistemas de abastecimento tratados apresentaram qualidade satisfatória, com exceção de apenas uma amostra que, embora tratada, obteve resultado insatisfatório, apresentando presença de contaminação fecal. Das 75 amostras coletadas com chuvas recentes (33,19%), apenas uma amostra tratada mostrou-se insatisfatória, reforçando a influência das variações climáticas sobre a qualidade da água, onde pode ocorrer a penetração de bactérias no solo e a contaminação de fontes. Entre os resultados, 2 (0,88%) amostras não tratadas foram consideradas satisfatórias, sugerindo que múltiplos fatores ambientais também influenciam nos resultados microbiológicos. Dessa forma, as análises realizadas destacam a importância da vigilância constante e do bom tratamento das fontes, principalmente aquelas destinadas ao uso humano, a fim de garantir que as águas fornecidas à população apresentem qualidade adequada, pois a presença de coliformes totais e *E. coli* comprometem a segurança para o consumo humano e do uso doméstico.

Palavras-chave: água *in natura*, saneamento básico, potabilidade da água

Aplicação da superfície de resposta na otimização da produção de violaceína por *Janthinobacterium lividum* utilizando resíduos agroindustriais como substratos alternativos

30

Nathan Aiko Hotta¹; Lucas Zanin Santos¹; Elisete Pains Rodrigues¹

¹Laboratório de Genética e Microrganismos, Departamento de Biologia Geral, Centro de Ciências Biológicas (CCB), Universidade Estadual De Londrina, Londrina – PR

E-mail: nathanaiko@hotmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

A busca por corantes naturais tem crescido devido à necessidade de alternativas biossustentáveis aos corantes sintéticos, que representam riscos ambientais e à saúde. Biopigmentos de fungos e bactérias são promissores, oferecendo não apenas coloração, mas também propriedades funcionais como atividades antimicrobianas e antivirais. A violaceína, um pigmento de coloração violeta produzido por bactérias como *Janthinobacterium lividum*, destaca-se por suas propriedades bioativas, sendo promissora para aplicação tanto na indústria têxtil, onde agrega funcionalidades aos materiais têxteis e proporciona uma coloração estável e vibrante, quanto em produtos cosméticos e farmacêuticos, devido as suas propriedades antioxidantes e terapêuticos. Este estudo avaliou a produção de violaceína por *Janthinobacterium lividum* em meio contendo resíduos agroindustriais (farelo de arroz, cevada, soja e glicerol) como substratos alternativos, combinados com o aminoácido L-triptofano, precursor da biossíntese de violaceína. O primeiro experimento seguiu um fatorial 2³, onde a bactéria foi cultivada em meio contendo diferentes combinações de presença ou ausência dos três resíduos agroindustriais (farelo de arroz, cevada e soja), totalizando 8 tratamentos experimentais. O segundo experimento seguiu um Planejamento Composto Central Rotacional (DCCR) com 29 ensaios experimentais (8 pontos axiais, 5 pontos centrais, e 16 pontos fatoriais) para avaliar combinações dos nutrientes soja, cevada, arroz, glicerol e triptofano. As análises estatísticas foram feitas nos programas Jamovi e no RStudio. Os resultados demonstraram que *J. lividum* produziu violaceína de forma mais eficiente em meio combinando farelo de soja e cevada. A inclusão de farelo de arroz reduziu significativamente ($p < 0,05$) a produção de violaceína em comparação com os demais tratamentos. O tratamento combinando farelo de soja e cevada (na ausência de farelo de arroz) alcançou uma produção média de 3,4 g/L, representando um aumento de 647% em relação ao tratamento contendo farelo de arroz (0,46 g/L). A análise da superfície de resposta (RSM) indicou as seguintes condições ótimas para produção de violaceína: 9 g/L de farelo de cevada, 3 g/L de soja, 9,0 g/L de glicerol e 2 g/L de triptofano. Essas condições proporcionaram uma produção de 16 g/L de violaceína, representando um aumento de 110x em relação ao meio controle contendo caldo nutriente suplementado com glicerol e triptofano (7,8 g/L), cultivado nas mesmas condições. Esse estudo demonstra que a fermentação com resíduos agroindustriais oferece uma estratégia para uma produção mais sustentável e econômica de violaceína, favorecendo sua aplicação como biocorante na indústria têxtil e em outros setores industriais que demandam onde as propriedades terapêuticas da violaceína podem ser aplicadas.

Palavras-chave: biopigmentos, fermentação sustentável, ecossustentabilidade

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Avaliação da ação antifúngica do metabólito produzido por *Burkholderia metallica* RV7S3 contra o fungo *Alternaria alternata*

Stephany Aiko Nakahira Uchima¹; Kawany Roque Basso¹; Stefani Fabiola Alarcon¹; Juliane Izidio Rogenski¹; Julia Dias Bueno¹; Lucas Karpinski Risson¹; Galdino Andrade Filho¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: stephany.uchima@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

Agentes fitopatógenos, como os da espécie *Alternaria alternata*, causam perdas consideráveis em várias culturas. Espécies do gênero provocam sintomas na parte aérea da planta, como manchas foliares necróticas. Devido a isso, defensivos agrícolas são usados para controlar fitopatógenos, no entanto, o uso destes resultam em riscos ambientais e à saúde humana. Uma alternativa ao controle de doenças fúngicas é o uso de bactérias que produzem metabólitos secundários antimicrobianos, como as bactérias do gênero *Burkholderia*. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar um composto com atividade antifúngica produzido pela cepa RV7S3 da bactéria *Burkholderia metallica* contra o fungo *Alternaria alternata*. A cepa RV7S3 de *B. metallica* e o fungo *A. alternata* foram obtidos da coleção de microrganismos do Laboratório de Ecologia Microbiana (LEM) da Universidade Estadual de Londrina (UEL). Para a produção do antifúngico, *B. metallica* foi repicada em placas contendo ágar nutriente. Em seguida, as células foram ressuspensas em solução salina esterilizada (NaCl 0,85% m/v) à 10^8 UFC/mL e 100 µL foram inoculados em 100 mL de meio caldo batata dextrose (CBD) contidos em Erlenmeyers de 500 mL. O cultivo foi mantido em shaker orbital (150 rpm/28 °C/12 horas). Após esse tempo, 400 µL do inóculo foram adicionados em 400 mL de meio CDB em Erlenmeyers de 2 L e incubados em shaker orbital por 9 dias (150 rpm/28 °C). Depois, a cultura foi centrifugada e o sobrenadante foi concentrado em estufa a 60 °C. Posteriormente, foi feita uma partição líquido-líquido, e três extrações com diclorometano (2:1). A fase orgânica foi coletada e concentrada em rotaevaporador e ressuspensa com diclorometano. A atividade antifúngica foi testada por meio do teste de disco-difusão e concentração inibitória mínima (CIM). O teste de disco-difusão foi realizado nas concentrações de 200 e 150 µg/mL da fração antifúngica, e a partir deste teste a CIM foi realizada utilizando placa de 24 poços, através da diluição seriada do metabólito em batata dextrose ágar (BDA). Os resultados mostraram ampla atividade antifúngica do metabólito contra o patógeno testado. No teste de disco-difusão houve a inibição do crescimento do fungo em ambas as concentrações testadas. O teste de CIM foi realizada nas concentrações de 200-1,56 µg/mL, em que a concentração de 50 µg/mL foi a CIM determinada. Os resultados indicaram que os metabólitos produzidos por *B. metallica* possuem atividade contra *A. alternata*.

Palavras-chave: fitopatógenos, atividade antimicrobiana, metabólitos secundários

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Avaliação da ação inseticida de isolados bacterianos aplicados em *Tenebrio molitor*

Paula Santana Barboza¹; Layla Eduarda de Oliveira¹; Paula Sayuri Taguti¹; Amanda Aleixo Moreira¹; Luis Eduardo de Souza Gazal; Viviane Sandra Alves; **Emanuele Júlio Galvão de França¹**

32

¹Centro de Ciências Humanas e da Educação, Campus de Cornélio Procópio, Universidade Estadual do Norte do Paraná

E-mail: santanapaula183@gmail.com

Área de conhecimento: Microbiologia Ambiental

Os métodos tradicionais do controle de insetos pragas utilizam inseticidas químicos, cujo uso indiscriminado causa resistência, além de elevada toxicidade com risco para a saúde humana e contaminação ambiental. Assim, novas estratégias mais sustentáveis e seguras como a utilização de bactérias como controle biológico tem se apresentado como uma alternativa promissora no manejo de insetos pragas. Uma vez que bactérias podem ser entomopatogênicas, cuja ação envolve a infecção e invasão como um parasita no inseto, além disso algumas bactérias são capazes de produzir compostos de ação inseticida. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar o potencial inseticida entomopatogênico e ação de metabólitos de quatro cepas bacterianas (LB, AA, SAY, MFS4) isoladas de solo da Mata São Francisco de Cornélio Procópio – PR e uma cepa L77 isolada de rizosfera de *Musa paradisiaca*, em Cornélio Procópio, PR. As cepas bacterianas foram cultivadas em caldo TSB em duas condições: 1) 24 h a 35 °C estático (celular); 2) 72 h a 35 °C, 150 rpm, centrifugação a 10.000 rpm/5min, filtrado em 0,22 µm de poro (Acelular). Posteriormente, 2 mL do material celular e acelular foi aplicado em placa de Petri de 9 cm de diâmetro com duas folhas de papel filtro no fundo, contendo 10 tenébrios por placa, a qual foi fechada e mantida em câmara de germinação a 25 °C. O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado (DIC) em triplicata e após 72 h foi avaliada a mortalidade dos insetos. A ação entomopatoênica das bactérias não apresentou valores significativos ($p > 0,05$) em relação ao controle sem a bactéria (0 – 17% de mortalidade dos insetos). Entretanto, a ação de metabólitos demonstrou elevada efetividade de mortalidade dos insetos para os isolados L77 com 100 % de mortalidade e o MSF4 com 90 % de mortalidade ($p < 0,05$). Os resultados indicaram ser promissores quanto a ação inseticida de metabólitos para os isolados L77 e MSF4, quando aplicado em *Tenebrio molitor*, representando uma alternativa valiosa para o controle microbiano de insetos praga. A próxima etapa do estudo envolve a identificação das bactérias, otimização e monitoramento da ação inseticida também avaliada em outros tipos de insetos.

Palavras-chave: controle microbiano, metabólitos bacterianos, bactérias entomopatogênicas, agricultura sustentável.

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Avaliação da promoção do crescimento do milho (*Zea mays* L.) e mitigação do déficit hídrico com rizobactérias isoladas de solo Mato-Grossense

Kathlen Giovana Grzegorzczuk¹; Stefani Fabiola Alarcon¹; Juliane Izidio Rogenski¹; Julia Dias Bueno¹; Lucas Karpinski Risson¹; Stephany Aiko Nakahira Uchima¹; Galdino Andrade¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: kathlen.giovana@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

O solo rizosférico é abundante em colonização microbiana e pode ser fonte de isolamento de bactérias promotoras do crescimento vegetal. Essas bactérias, podem auxiliar o desenvolvimento da planta pela produção de fitormônios, solubilização de nutrientes, proteção a patógenos entre outros. Além disso, elas podem mitigar o efeito da escassez hídrica por meio da produção de biofilme, umedecendo a região radicular, ou produzindo substâncias que auxiliem a regulação osmótica. O solo mato-grossense, pode ser um ambiente hostil devido ao seu clima seco. O objetivo deste trabalho foi a avaliação de 18 cepas bacterianas (SCR1, SCR4, SCR5, SG1.1, SG1.2, SG2, GMN1, GMN2, GNM3, SGV1, SGV2, SCR1.1, SCR2, SCR3, SCR4, SCR5 e SCR6) isoladas de solo mato-grossense e pertencentes a coleção do Laboratório de Ecologia Microbiana da Universidade Estadual de Londrina (UEL), quanto a capacidade de promoção de crescimento vegetal. Foram realizados dois experimentos em casa de vegetação, um para a avaliação da promoção de crescimento e outro frente ao déficit hídrico (DH). No primeiro experimento em casa de vegetação, as 18 bactérias foram inoculadas na semente de milho utilizando alginato 1% como veículo, e houve dois controles, um apenas com a semente e um com a semente envolta com o alginato 1% estéril. Quatro bactérias (SCR4, SCR5, SCR3 e SG2) apresentaram aumento significativo em peso fresco de parte aérea e/ ou raiz em relação ao controle. Os isolados que apresentaram resultado foram escolhidos para realizar o experimento perante DH, também foi avaliada a bactéria SCR6 por apresentar colônia mucoide, com grande produção de exopolissacarídeos. O experimento sob DH foi realizado com milho em casa de vegetação. Foram utilizadas 5 repetições para cada tratamento e regadas diariamente durante todo o experimento (26 dias) e 5 repetições de cada tratamento tiveram a rega cessada a partir do 21º dia de plantio até o 26º dia. O experimento sob DH não apresentou diferença significativa entre os tratamentos sob as mesmas condições de rega. Porém, os isolados SCR4 e SCR5 submetidos ao déficit hídrico obtiveram peso fresco de parte aérea semelhante aos tratamentos regados diariamente. Também o tratamento SCR5 sob DH possuiu peso fresco de raiz semelhante aos regados diariamente e diferiu significativamente do tratamento controle sob DH. Os 5 isolados selecionados possuem potencial de promoção de crescimento vegetal e, além disso SCR4 e SCR5 apresentaram maior probabilidade de mitigação no efeito da seca. Para tal afirmação, mais avaliações precisam ser feitas.

Palavras-chave: PGPR, interação planta-microrganismo, estresse abiótico, seca

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Avaliação da resistência de isolados bacterianos frente a um pesticida organofosforado e aplicação em *Tenebrio molitor*

Layla Eduarda de Oliveira¹; Paula Santana Barboza¹; Paula Sayuri Taguti¹; Amanda Aleixo Moreira¹; Luis Eduardo de Souza Gazal¹; Viviane Sandra Alves; **Emanuele Júlio Galvão de França¹**

¹Centro de Ciências Humanas e da Educação, Campus de Cornélio Procopio, Universidade Estadual do Norte do Paraná

E-mail: laylaeduarda20100@gmail.com

Área de conhecimento: Microbiologia Ambiental

O controle de pragas agrícolas e domésticas por inseticidas é uma ferramenta muito utilizada para proteção de diversas culturas vegetais. Entretanto, pode causar riscos para a saúde humana e contaminação ambiental, por serem recalcitrantes e com elevada toxicidade para diversos seres vivos além dos insetos. Assim, encontrar microrganismos capazes de sobreviver e se multiplicar nesse ambiente desfavorável pode ser promissor para o processo de biorremediação desses tóxicos. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar a resistência de oito cepas bacterianas, isoladas de solo da Mata São Francisco de Cornélio Procopio – PR e uma cepa L77 coletada de rizosfera de *Musa x paradisiaca* em diversas concentrações do inseticida acefato (O,S-dimetil acetilfosforamidotioato). A resistência bacteriana foi avaliada por meio do ensaio de microdiluição em caldo. As concentrações máximas de sobrevivência ao acefato foram determinadas após 72 horas de incubação, utilizando concentrações variando de 0,5 g/mL a 3 g/mL. Foi utilizada a concentração de uso do inseticida (750 mg/L acefato em meio TSB) e quatro isolados bacterianos selecionados e quatro condições de tratamento (24 h a 35 °C estático; 72 h a 35 °C estático; 4 dias a 35 °C e 150 rpm; 10 dias a 35 °C e 150 rpm). Posteriormente, o material tratado foi centrifugado (10.000 rpm/5 min), filtrado em 0,22 µm de poro (Filtrilo) e 2 mL do material acelular foi aplicado em placa de Petri de 9 cm de diâmetro com duas folhas de papel filtro no fundo, contendo 10 tenébrios por placa, a qual foi fechada e mantida em câmara de germinação a 25 °C. O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado (DIC) em triplicata e após 72 h foi avaliada a mortalidade dos insetos. Os valores observados da resistência dos isolados ao acefato foram 3 g/L para todos os isolados avaliados, sendo 4 vezes maior que a concentração aplicada para o manejo de pragas. A mortalidade observada dos insetos não apresentou diferenças significativas ($p > 0,05$) quando comparadas ao controle sem tratamento, além disso os insetos que ficaram vivos apresentaram comportamento motor estressante. Os resultados indicaram que embora as bactérias sejam resistentes ao acefato, sua toxicidade não foi alterada, nas condições testadas. Outras condições de tratamento para a biorremediação do acefato deverão ser avaliadas. O acefato apresenta estrutura química complexa e forma molecular ($C_4H_{10}NO_3PS$ ($M = 183$ g/mol) podendo ser necessária a utilização de múltiplas etapas com a combinação de mais microrganismos para a sua completa detoxificação.

Palavras-chave: biorremediação, substância recalcitrante, atividade microbiana, insetos

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Avaliação *in vitro* do potencial de produção de sideróforos por *Burkholderia pyrrocinia* cepa RV1R2

Juliane Izidio Rogenski¹; Erika Tyemi Goya Niekawa¹; Kawany Roque Bassos¹; Lucas Karpinski Risson¹; Julia Dias Bueno¹; Stefani Fabiola Alarcon¹; Gabriela Salvador Guidugli¹; Stephany Aiko Nakahira Uchima¹; Galdino Andrade Filho¹

¹Laboratório de Ecologia Microbiana, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: juliane.rogenski@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

O ferro (Fe) é um nutriente essencial para as plantas, mas, apesar de sua abundância nos solos, encontra-se em sua maioria insolúvel, dificultando sua absorção. Para contornar essa limitação, microrganismos do solo, como as rizobactérias promotoras de crescimento de plantas (RPCP), têm sido amplamente estudados por sua capacidade de aumentar a disponibilidade de nutrientes, especialmente o ferro. Entre os mecanismos utilizados por essas bactérias, destaca-se a produção de sideróforos, compostos de baixa massa molecular que quelam íons férricos (Fe^{3+}), formando um complexo solúvel, permitindo a absorção do ferro presente no ambiente para o interior da célula vegetal. Esse estudo avaliou o potencial de produção de sideróforos por *Burkholderia pyrrocinia* cepa RV1R2, cedida pela coleção bacteriana do Laboratório de Ecologia Microbiana da Universidade Estadual de Londrina. A avaliação qualitativa da produção de sideróforos foi conduzida utilizando a reação química da solução indicadora de cromo azurol S (CAS), cuja solução foi preparada com 6 mL de solução de HDTMA 10 mM, 1,5 mL de solução de $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ férrico 1 mM e HCl 0,01 N, 7,5 mL de solução aquosa de cromo azurol 2 mM, 4,307 g de piperazina anidra diluída em 20 mL de H_2O e 6,25 mL de HCl a 37%, com o volume final ajustado para 100 mL. Para a análise, 20 μL de suspensão bacteriana (10^8 UFC/mL) foram inoculados em triplicata em tubos com tampa de rosca (30 mL) contendo 10 mL de caldo TSB diluído 1/10, e incubados por 72 horas em agitador orbital a 150 rpm, a 28 °C. As culturas foram então centrifugadas a 12.000 rpm por 10 minutos. Em seguida, 1 mL do sobrenadante foi transferido para um microtubo de centrifuga (2 mL) e coberto com 1 mL da solução CAS. Após 15 minutos, a mudança de cor da solução de azul para laranja foi observada, confirmando a captura de ferro do corante pelo composto quelante. O resultado comprova a capacidade de produção de sideróforos por *B. pyrrocinia*, indicando o potencial de sua aplicação em estratégias biotecnológicas voltadas à agricultura sustentável, especialmente na formulação de bioinsumos que promovam a nutrição mineral das plantas de forma eficiente e ambientalmente segura.

Palavras-chave: rizobactéria, nutrientes, ferro, bioinoculante

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Avaliação microbiológica da qualidade da água em Assaí-PR: comparativo entre amostras tratadas e não tratadas e o impacto das chuvas

Kaique Barral Domingues¹; Arthur Bossi do Nascimento¹; Bárbara Helen Claro dos Santos¹; Bianca Mayumi Susuki¹; Bruna Larissa Covezzi¹; Gloria Carneiro¹; Joana Lopes Melero¹; Luana Carvalho Silva¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: kaique.barral.domingues@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

A água é um recurso indispensável à vida, sendo sua qualidade uma condição crítica para a saúde humana, dado que a água contaminada pode servir como transmissor para diversos agentes infecciosos. A presença de coliformes totais e *Escherichia coli* na água é utilizada como indicativo para contaminação fecal e possíveis presenças de microrganismos potencialmente patogênicos. Dessa forma, garantir que a água consumida pela população esteja dentro dos padrões microbiológicos é essencial para não gerar sérios danos à saúde pública. Partindo disto, este estudo teve como objetivo avaliar a qualidade microbiológica de 180 amostras de água coletadas entre fevereiro de 2024 e junho de 2025 da cidade de Assaí no Paraná. Para isso, amostras de água foram coletadas em frascos esterilizados de 100 mL contendo tiosulfato de sódio, sendo posteriormente submetidas à análise microbiológica pelo teste cromogênico Colilert. Das 180 amostras, 113 (63%) não passaram por tratamento e 67 (37%) foram tratadas. Em relação aos coliformes totais, 89 (49%) das amostras exibiram a presença desse microrganismo, o que evidencia uma parte significativa da água sujeita a contaminação fecal. Por outro lado, a presença de *E. coli*, bactéria relacionada diretamente à contaminação, foi detectada em 59 (33%) das amostras, refletindo uma situação preocupante. No que se refere à qualidade geral da água, 106 (59%) dos resultados foram apresentados como satisfatórios. Contudo, 74 (41%) apresentaram resultados insatisfatórios, destacando a necessidade de melhoria no tratamento. Ao comparar os resultados, fica evidente a importância do tratamento: enquanto apenas 44 (38.9%) das amostras não tratadas foram consideradas satisfatórias, um expressivo 62 (92.5%) das amostras tratadas atenderam aos padrões de qualidade. Outro ponto relevante observado foi o impacto das chuvas na qualidade da água, das 68 amostras coletadas em dia chuvoso, 12 (18%) apresentaram resultados não satisfatórios. Notavelmente, essa proporção foi inferior à taxa geral de insatisfatoriedade 74 (41%), indicando que, neste estudo, as chuvas não foram associadas a um aumento na proporção de amostras inadequadas. Estes dados ressaltam a importância do tratamento e monitoramento constante da qualidade da água para a saúde pública. É essencial realizar a análise contínua e fiscalização da qualidade microbiológica das amostras hídricas, pois isso permite a avaliação da eficácia dos processos de tratamentos e a manutenção de sistemas eficientes, amenizando os possíveis danos à saúde pública e assegurando o bem-estar da sociedade.

Palavras-chave: saúde pública, *Escherichia coli*, coliformes totais, tratamento de água

Eficácia do metabólito secundário F4a da cepa LV de *Pseudomonas aeruginosa* contra o fungo fitopatogênico *Phomopsis* sp.

Julia Dias Bueno¹; Erika Tyemi Goya Niekawa¹; Juliane Izidio Rogenski¹; Kawany Roque Basso¹; Stefani Fabiola Alarcon¹; Galdino Andrade Filho¹

¹Laboratório de Ecologia Microbiana, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: julia.dias.bueno@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

O gênero *Phomopsis* compreende fungos fitopatogênicos que afetam diversas culturas agrícolas. Os sintomas variam de acordo com a espécie infectada, mas geralmente incluem manchas necróticas, lesões, podridão e murcha. O manejo dessas doenças no campo é desafiador e frequentemente depende do uso intensivo de fungicidas químicos. O uso inadequado desses agroquímicos pode causar impactos ambientais, como a contaminação do solo e da água, além de favorecer o desenvolvimento de populações resistentes do patógeno. Esse cenário evidencia a necessidade de novos produtos e estratégias de controle que minimizem esses danos. *Pseudomonas aeruginosa* é uma bactéria Gram-negativa conhecida por sua capacidade de produzir metabólitos com propriedades antimicrobianas. O presente trabalho teve como objetivo analisar o efeito antifúngico de alguns desses compostos contra o fungo fitopatogênico *Phomopsis* sp. A cepa LV de *P. aeruginosa* sintetiza, por vias metabólicas secundárias, as substâncias fenazina-1-carboxílico ácido (PCA), fenazina-1-carboxiamida (PCN) e fluopsina C (OAC), agrupadas em uma fração denominada F4A. A F4A foi testada quanto à sua ação antifúngica por meio da técnica de disco difusão (200 µg/disco). O disco impregnado foi colocado a 2 cm de um fragmento de micélio de *Phomopsis* sp., centralizado em placa de Petri com meio BDA, enquanto o disco controle (sem substância antimicrobiana) foi posicionado no lado oposto, também a 2 cm do fungo. Após verificar a inibição do crescimento do fungo pela fração F4A, os três metabólitos foram avaliados separadamente (200 µg/disco), sob as mesmas condições experimentais supracitadas. As placas permaneceram incubadas em condição de BOD a 28 °C até que o micélio alcançasse o disco controle. Com os resultados, concluiu-se que a atividade antifúngica da fração F4A contra *Phomopsis* sp. é atribuída exclusivamente à fluopsina C (OAC), que apresentou halo de inibição de 1,5 cm. Esses resultados evidenciam o potencial da fluopsina C como molécula bioativa para o controle de fungos fitopatogênicos, configurando uma alternativa promissora ao uso intensivo de fungicidas químicos no manejo de doenças agrícolas. Além de reduzir riscos ambientais e o desenvolvimento de resistência, o emprego dessa substância pode contribuir para estratégias integradas de manejo, reforça o seu potencial como candidato para estudos futuros no desenvolvimento de produtos destinados ao controle de fungos fitopatogênicos.

Palavras-chave: antifúngico, fluopsina C, metabólitos secundários, *Phomopsis*

Estudo sobre a capacidade de degradação de Polietileno de Alta Densidade de *Pleurotus ostreatus* em meios solidificados com diferentes gelificantes

Leonardo Dib de Sousa Abussafi¹; Guilherme de Oliveira Oti¹; Sophia Rossi Freire da Rosa¹; Kymberlli Angel Oliveira Costa¹; Leonardo Niro dos Santos¹; Aline Ratuchne¹; Luciano Aparecido Panagio¹; Eliandro Reis Tavares¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹; Lucy Megumi Yamauchi¹.

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: leonardo.dib.abussafi@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

Microplásticos afetam diretamente ecossistemas essenciais globalmente e representam riscos significativos à saúde humana. As abordagens convencionais para o tratamento de resíduos plásticos (como reciclagem mecânica, química e incineração) frequentemente contribuem para a geração de mais microplásticos. A biodegradação surge como uma alternativa promissora. Contudo, um dos principais desafios enfrentados nas pesquisas sobre a biodegradação de plásticos é a lentidão na identificação da eficácia dos diferentes microrganismos isolados na decomposição dos plásticos. Assim, torna-se essencial o desenvolvimento de métodos que permitam avaliar de maneira rápida a atividade de degradação microbiana sobre os polímeros. Este trabalho teve como objetivo caracterizar o crescimento de *Pleurotus ostreatus*, fungo filamentoso com conhecida capacidade de degradação de polietileno, em diferentes meios de culturas acrescidos de Polietileno de Alta Densidade (PEAD). Critérios avaliados: homogeneidade das partículas plásticas no meio, tempo e limite de crescimento fúngico e presença de halos de degradação visíveis a olho nu. Meio mínimo sem qualquer fonte de carbono foi a base para os testes, assim foram adicionados: (1) Ágar; (2) Agarose; (3) PEAD+Agarose. As culturas foram incubadas a 28°C por 15 dias, e periodicamente eram retiradas para registro fotográfico. No meio acrescido de PEAD, o plástico estava uniformemente disperso, mesmo sem adição de surfactante. O crescimento fúngico em todos os meios beirava o imperceptível até o segundo dia de incubação, com hifas extremamente hialinas e pouca densidade. Em contraste, no meio Ágar houve crescimento rápido e maior volume de hifas, seguido do meio Agarose e PEAD+Agarose. O fungo atingiu as bordas das placas com 9 e 10 dias de incubação nos meios com Ágar e Agarose, respectivamente, enquanto no meio PEAD+Agarose não atingiu as bordas da placa antes do término do experimento. Nenhum dos meios apresentou qualquer halo. Os resultados sugerem que, sob as condições testadas, o *P. ostreatus* talvez não seja capaz de degradar o PEAD nem os gelificantes testados de forma significativa. E que, portanto, a capacidade de biodegradação de plástico de *P. ostreatus* não pode ser rapidamente aferida com nenhum dos meios testados. Em soma, a diferença de crescimento indica uma possível leve inibição do crescimento do fungo pela presença do PEAD no meio, bem como que as vias de degradação dos gelificantes e do PEAD podem ser distintas com baixa sobreposição. Mais estudos se fazem necessários para a formulação de um meio rápido de triagem para fungos biodegradadores de plásticos.

Palavras-chave: ágar, agarose, biodegradação, microplásticos, triagem

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Isolamento de bactérias com atividade degradadora de PEAD obtidas de solo contaminado com resíduos plásticos

Guilherme de Oliveira Oti¹; Leonardo Dib de Sousa Abussafi¹; Sophia Rossi Freire da Rosa¹; Kymberli Angel Oliveira Costa¹; Gabrielle Modesto Maroni¹; Julia Carla Torrezan¹; Eliandro Reis Tavares¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹; Lucy Megumi Yamauchi¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: guilherme.otti@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

A fabricação de produtos plásticos em 2023 atingiu 413,8 milhões de toneladas, sendo que apenas 8,9% desse montante adveio de reciclagem. Tal realidade propicia acúmulos colossais desses polímeros que, sob ação de intemperismo, liberam continuamente microplásticos (MPs), que agredem grandes e vitais ecossistemas por todo o planeta, além de gerar danos significativos à saúde humana. Abordagens tradicionais para o manejo de resíduos plásticos tendem a ser desastrosas, com a reciclagem mecânica, química e a incineração frequentemente gerando mais MPs. Frente a isso, a biodegradação surge como alternativa sustentável e economicamente viável para redução da dispersão desses MPs. Pesquisas que englobam a biodegradação de plásticos possuem um importante fator limitante, a escassez de cepas bacterianas degradadoras. Este trabalho buscou selecionar pools bacterianos isolados de solos de depósitos de plásticos a partir de diferentes técnicas de cultivo e testar sua capacidade de degradação de polímeros em meios solidificados. Amostras de solo foram coletadas em uma cooperativa de reciclagem na região de Londrina-PR e homogeneizadas em salina (0,85%). Para a técnica de isolamento, a suspensão foi diluída em série, e cada diluição inoculada em meio contendo polímero plástico como fonte de carbono. Alternativamente, a suspensão foi usada como inóculo para cultivo em meio mínimo líquido acrescido de plástico como única fonte de carbono por 30 dias. A partir desses cultivos, foram obtidos sete pools bacterianos. O pool 101GR foi isolado diretamente por plaqueamento de uma das diluições da suspensão de solo em meio sólido contendo polímero plástico como única fonte de carbono. Já os pools 70A, 70B, 70C, 71G, 80D e 80F foram obtidos a partir do enriquecimento em meio mínimo líquido suplementado com plástico, usando a suspensão de solo como inóculo. Após incubação por 30 dias, os cultivos líquidos foram inoculados em meio sólido, permitindo o isolamento das colônias desses pools. Posteriormente, suspensões em salina (a 2 McFarland) foram inoculadas em meio sólido composto por Polietileno de Alta Densidade (PEAD) e solução mineral mínima. Todos os pools apresentaram crescimento, contudo apenas 101GR apresentou halo visível ao redor das colônias. Além disso, depressões no meio também foram observadas, sugerindo consumo significativo do ágar presente no meio de cultura. Os resultados indicam que, dentre os pools testados, 101GR foi o único com atividade significativa de degradação de PEAD. Novos estudos devem confirmar sua capacidade de utilizar o polímero como fonte de carbono, a fim de explorar sua aplicabilidade na mitigação dessa problemática ambiental.

Palavras-chave: microplásticos, biodegradação, polietileno de alta densidade, pools bacterianos, triagem

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Influência de diferentes concentrações de L-triptofano na produção de metabólito antifúngico por *Burkholderia metallica* contra *Rhizoctonia solani*

Kawany Roque Basso¹; Stefani Fabiola Alarcon¹; Leonardo da Cruz Alves¹; Stephany Aiko Nakahira Uchima¹; Julia Dias Bueno¹; Juliane Izidio Rogenski¹; Galdino Andrade Filho¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: kawroquebasso.555@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

A bactéria *Burkholderia metallica* é um microrganismo do solo, que se destaca por seu notável potencial biotecnológico, sobretudo pela capacidade de produzir metabólitos bioativos com propriedades antimicrobianas, como a pirrolnitrina. A biossíntese desse composto envolve vias enzimáticas específicas, nas quais o aminoácido triptofano atua como um precursor essencial. Diante da possibilidade de que a disponibilidade desse substrato module a produção do metabólito, o presente estudo teve como objetivo avaliar o efeito de distintas concentrações de triptofano (0, 100, 200, 300, 400, 500 e 1000 µg/mL) sobre a atividade antifúngica do metabólito gerado por *B. metallica*, tendo como microrganismo-alvo o fungo fitopatogênico *Rhizoctonia solani*. Este patógeno encontra-se amplamente distribuído em ambientes agrícolas e é frequentemente associado a doenças como tombamento e podridão radicular, resultando em perdas econômicas relevantes em diversas culturas de interesse agrônomo. A atividade antifúngica foi avaliada por meio de ensaios de disco-difusão, e os resultados obtidos demonstraram uma inibição progressiva do crescimento micelial com o aumento das concentrações de triptofano, sendo observadas reduções estatisticamente significativas a partir de 300 µg/mL. A menor taxa de crescimento fúngico foi registrada na maior concentração testada, 1000 µg/mL (3 mm), seguida por 500 µg/mL (4 mm). Embora a concentração de 1000 µg/mL represente o dobro da anterior, o ganho em inibição foi discreto, o que sugere uma resposta não proporcional e a possível ocorrência de um efeito de platô ou saturação na síntese do composto bioativo. A análise estatística, conduzida por meio do teste de Tukey confirmou a ausência de diferença significativa entre os tratamentos de 500 e 1000 µg/mL ($p = 0,7408$), enquanto a curva de regressão polinomial cúbica apresentou um ajuste satisfatório aos dados experimentais ($R^2 = 0,9920$), corroborando a natureza não linear da resposta biológica à suplementação do precursor. Dessa forma, os resultados apontam a concentração de 500 µg/mL como uma condição suficiente para promover significativa inibição micelial, representando uma alternativa promissora, eficaz e economicamente viável para a indução da atividade antifúngica em *B. metallica*. Esse achado reforça o potencial de aplicação em estratégias sustentáveis de controle de fitopatógenos agrícolas, contribuindo para a redução de dependência de defensivos químicos e para a promoção de uma agricultura mais ecológica.

Palavras-chave: controle biológico, metabólitos microbianos, biorregulação metabólica
Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

**Mecanismos de promoção do crescimento vegetal de isolados do fungo ectomicorrízico
*Pisolithus microcarpus***

Romário da Silva Santana¹; Hugo Geraldo de Magalhães¹; Lucas Guilherme Hahn Kehl¹; Maurício Dutra Costa¹

¹Laboratório de Ecologia Microbiana (LEM), vinculado ao Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agricultura (BIOAGRO) da Universidade Federal de Viçosa (UFV)

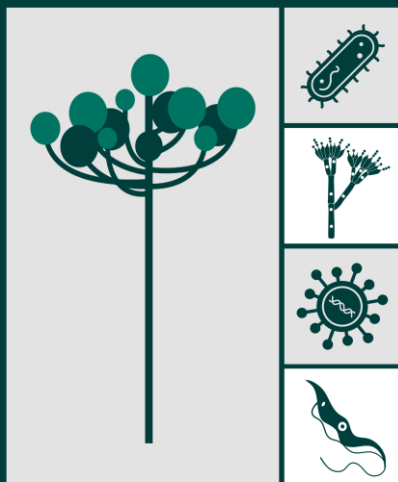
E-mail: romario.santana@ufv.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Ambiental

As florestas plantadas, especialmente com eucalipto, têm papel central na economia brasileira. Contudo, o cultivo intensivo em áreas homogêneas favorece o surgimento de pragas e doenças. Esse cenário limita a produtividade e a sustentabilidade, exigindo alternativas mais equilibradas, como o uso de microrganismos benéficos na promoção do crescimento vegetal. A simbiose ectomicorrízica entre raízes e fungos do solo é uma estratégia promissora por melhorar a absorção de nutrientes, crescimento vegetal e tolerância a estresses. Dentre os fungos associados ao eucalipto, destaca-se *Pisolithus microcarpus*, da família Sclerodermataceae amplamente distribuído em áreas de plantio no Brasil. O objetivo do estudo foi isolar fungos ectomicorrízicos e caracterizar os mecanismos diretos e indiretos de promoção do crescimento vegetal. Para a caracterização dos isolados, foram avaliadas características morfológicas das colônias em meio sólido, como cor, textura, borda, relevo e pigmentação. A curva de crescimento foi determinada por medições periódicas do diâmetro micelial. Além disso, os isolados foram submetidos a ensaios *in vitro* para análise do potencial de promoção do crescimento vegetal, incluindo a produção de sideróforos, de ácido indolacético (AIA) e solubilização de fosfato. Os isolados fúngicos B45, B22 e B7, pertencentes à espécie *P. microcarpus*, foram coletados nos municípios de São Geraldo, Coimbra e Paula Cândido – MG, respectivamente. A taxa de crescimento micelial variou entre os isolados, com destaque para o B45 com 1,47 mm/dia, seguido por B22 (1,43 mm/dia) e B7 (1,19 mm/dia). Nos testes funcionais, todos os isolados foram capazes de solubilizar fosfato, evidenciado pela formação de halos de degradação no meio. Quanto à produção de sideróforos, foi detectado o tipo carboxilato, indicado pela presença de halo com coloração amarelo-claro. Na síntese de ácido indolacético (AIA), o isolado B7 apresentou maior desempenho com 434,3 µg/mL, seguido por B45 (61,9 µg/mL) e B22 (42,6 µg/mL), indicando variações no potencial de promoção do crescimento vegetal entre os isolados analisados. Com base nos resultados obtidos, conclui-se que os isolados de *P. microcarpus* apresentaram distintas capacidades biofuncionais, demonstrando potencial como agentes promotores do crescimento vegetal. Esses mecanismos podem otimizar, contribuindo para o aumento da produtividade e, potencialmente, para a redução do uso de fertilizantes e defensivos químicos.

Palavras-chave: fungo, ectomicorriza, crescimento vegetal

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES



V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

RESUMOS

MICROBIOLOGIA ALIMENTOS



Atividade antibacteriana de óleos essenciais comerciais contra *Alicyclobacillus* spp.

Emilly Brito Ferreira¹; Jean Lopes da Silva¹; Pablo Ricardo Sanches de Oliveira¹; Rafaela Fátima Lima da Silva²; Fabrícia Gimenes³; Arildo José Braz de Oliveira⁴; Regina Aparecida Correia Gonçalves⁴; Maria Eloisa Orosco Duda⁴; Benício Alves de Abreu Filho¹

43

¹Programa de Pós-graduação em Ciência de Alimentos, Universidade Estadual de Maringá

²Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Maringá

³Departamento de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Estadual de Maringá

⁴Departamento de Farmácia, Universidade Estadual de Maringá

E-mail: emillybbferreira@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

Alicyclobacillus spp. microrganismo aeróbico, Gram-positivo, oxidase-positivo, acidofílico, termofílico e formador de esporos, com grande relevância na indústria de alimentos devido à sua capacidade de sobreviver em condições extremas, como baixos valores de pH (2,5 a 6,0) e altas temperaturas (45–60 °C). Entre suas espécies, *Alicyclobacillus acidoterrestris* é frequentemente associada à deterioração de produtos ácidos e bebidas cítricas, causando alterações sensoriais indesejadas, como o odor e sabor desagradáveis de desinfetante, pela produção de guaiacol (2-metoxifenol), que resulta em perdas econômicas consideráveis para a indústria de sucos concentrados industrializados, dentre eles, o de laranja. A crescente demanda por alimentos livres de aditivos sintéticos, leva ao interesse do consumidor, cada vez maior, pela utilização de conservantes naturais. Nesse contexto, agentes antimicrobianos de origem natural têm se mostrado promissores por apresentar baixa toxicidade, ampla disponibilidade e eficácia contra microrganismos deteriorantes. Este estudo teve como objetivo avaliar a atividade antimicrobiana de diferentes óleos essenciais (OEs) contra cepas de *Alicyclobacillus* spp., comparando sua eficácia com o conservante sintético sorbato de potássio. Foram utilizadas as cepas *A. acidoterrestris* (CBMAI 0244^T), *A. herbarius* (CBMAI 0246^T), *A. acidiphilus* (CBMAI 0247^T) e *A. sendaiensis* (KCTC 3843^T). Os OEs testados de capim-limão, cravo-da-índia e gengibre, obtidos comercialmente, foram aplicados em concentração de 2 mg/mL. A mesma concentração foi utilizada para o sorbato de potássio. A atividade antimicrobiana foi avaliada por meio do teste de difusão em ágar, utilizando o meio BAT. As placas foram incubadas a 45 °C por 24 horas, e, ao término desse período, procedeu-se à medição dos diâmetros dos halos de inibição. O óleo essencial de gengibre apresentou os maiores halos: 13 mm para *A. acidoterrestris* e *A. sendaiensis*, e 12 mm para *A. herbarius* e *A. acidiphilus*. O capim-limão apresentou halos de 11 mm para *A. herbarius* e *A. sendaiensis*, e 10 mm para *A. acidoterrestris* e *A. acidiphilus*. O cravo-da-índia mostrou 10 mm para *A. acidoterrestris*, *A. herbarius* e *A. sendaiensis*, e 8 mm para *A. acidiphilus*. O sorbato de potássio apresentou halos de 10 mm para *A. acidoterrestris* e 8 mm para as demais cepas. Esses resultados demonstraram que o óleo essencial de gengibre foi o mais eficaz entre os testados, superou inclusive o conservante sintético, e se destaca como uma alternativa promissora para o controle de *Alicyclobacillus* spp. na indústria de alimentos. Estudos futuros devem ser realizados para investigar o mecanismo de ação dos OEs e sua aplicabilidade.

Palavras-chave: compostos bioativos, suco de laranja, controle microbiológico

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Atividade antibiofilme de Bio-AgNP contra *Listeria monocytogenes*

Walter Luiz Cândido Closs¹; Laura Boso Brida Cavichioli¹, Maria Luiza Francisconi Lubanco Thomé¹; Mariana Homem De Mello Santos¹; Anastácia Nikolaos Deonas²; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹; Gerson Nakazato¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Bioquímica e Biotecnologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: walter.candido.closs@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

Listeria monocytogenes é uma bactéria patogênica Gram-positiva transmitida por alimentos, amplamente distribuída no ambiente, incluindo solo e água. Essa espécie é responsável por causar listeriose, uma infecção potencialmente grave que afeta principalmente gestantes, recém-nascidos, idosos e indivíduos imunocomprometidos. Os surtos de listeriose humana estão intimamente relacionados ao consumo de alimentos contaminados com *L. monocytogenes*, como produtos lácteos não pasteurizados, carnes processadas, frutos do mar e alimentos prontos para o consumo. Uma característica importante de *L. monocytogenes* é sua habilidade de formar biofilmes. A bactéria adere a superfícies biológicas ou abióticas, secreta polímeros extracelulares aderentes (EPS) e se multiplica, formando biofilmes com estruturas complexas. Esses biofilmes permitem a sobrevivência da bactéria por longos períodos, mesmo sob condições ambientais adversas. As células presentes no biofilme podem se desprender e retornar à forma planctônica, contribuindo para a contaminação cruzada e a persistência do patógeno em ambientes de processamento de alimentos. Na indústria alimentícia, os biofilmes representam um grande desafio, pois favorecem a adesão e permanência bacteriana em superfícies amplamente utilizadas, como aço inoxidável, vidro, plástico e polipropileno. Além disso, os biofilmes aumentam significativamente a resistência das bactérias a tratamentos com luz ultravioleta, ácidos, agentes biocidas e aos métodos tradicionais de limpeza e desinfecção, dificultando sua erradicação. Diante desse cenário, torna-se essencial desenvolver estratégias eficazes para o controle de biofilmes, garantindo assim a segurança dos alimentos e a prevenção de infecções de origem alimentar. Dentre as alternativas estudadas, os compostos naturais e as nanopartículas metálicas, como as nanopartículas de prata, têm se mostrado promissoras devido à sua atividade antimicrobiana de amplo espectro. Neste trabalho, foi avaliada a inibição da formação de biofilme de *L. monocytogenes* Scott A por nanopartículas de prata biogênicas (Bio-AgNP) adquiridas da Gral Bioativos, utilizando o ensaio colorimétrico com MTT (3-(4,5-dimetiltiazol-2-il)-2,5-difeniltetrazólio brometo), que permite estimar a viabilidade celular nas estruturas aderidas. Foram testadas concentrações de Bio-AgNP de 1000 µM até 7,81 µM. A inibição do biofilme foi superior a 90% nas concentrações de 1000 µM e 500 µM, e acima de 70% nas concentrações subsequentes até 7,81 µM, demonstrando forte potencial das Bio-AgNP em inibir a formação de biofilme de *L. monocytogenes*.

Palavras-chave: nanopartículas de prata, patógeno, biofilme

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, CNPq

Atividade antifúngica de óleos essenciais (cravo, hortelã-pimenta, melaleuca) e líquido da casca da castanha de caju contra *Aspergillus* sp. e *Colletotrichum gloeosporioides*

Gustavo Graciano Fonseca¹; Paula Luiza Antunes de Oliveira²; Sílvia Maria Martelli²

¹Faculdade de Ciências dos Recursos Naturais, Universidade de Akureyri, Akureyri, Islândia

²Faculdade de Engenharia, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, MS, Brasil

E-mail: gustavo@unak.is

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

Fungos como *Aspergillus* sp. e *Colletotrichum gloeosporioides* prejudicam significativamente a qualidade de frutas, cereais e grãos, causando perdas econômicas substanciais e representando riscos à segurança alimentar. Isso requer o desenvolvimento de métodos alternativos de controle para reduzir a dependência de agroquímicos sintéticos. Óleos essenciais de cravo (*Syzygium aromaticum*), hortelã-pimenta (*Mentha piperita*) e melaleuca (*Melaleuca alternifolia*), juntamente com óleo de babaçu (*Attalea speciosa*) e líquido técnico da casca da castanha de caju (LCC) em diversas formas (puro, LCCt-Na modificado com sódio e LCCt-K modificado com potássio), são promissores como agentes antifúngicos devido ao seu menor impacto ambiental e à capacidade de interferir no crescimento microbiano sem efeitos deletérios. Este estudo teve como objetivo avaliar o potencial fungicida desses óleos naturais e derivados de LCCt por meio de ensaios *in vitro* de concentração inibitória mínima (CIM), germinação de conídios e inibição do crescimento micelial. Os fungos foram removidos de pequenas lesões medindo 0,5 cm² em frutos de mamão (*Carica papaya* L. var. Formosa) nos estádios de maturação 4 e 5, de acordo com os sistemas padrão de classificação de cor de frutas para mamão. Os segmentos do fruto foram tratados e incubados por 7 dias para purificação e isolamento. Microcultivos foram realizados para identificação dos fungos por sequenciamento de DNA antes das análises *in vitro*. O óleo essencial de cravo demonstrou consistentemente a maior atividade antifúngica em todos os três ensaios, exibindo potencial fungicida em concentrações acima de 5 µg/mL. O óleo essencial de hortelã-pimenta também apresentou alta eficácia, atingindo 100% de inibição contra *C. gloeosporioides* em concentrações acima de 15 µg/mL e contra *Aspergillus* sp. acima de 110 µg/mL, atuando principalmente como um agente fungistático. O óleo essencial de melaleuca também apresentou efeitos fungistáticos significativos. Embora o óleo de babaçu e as variantes de LCCt tenham apresentado atividade antifúngica, sua eficácia foi observada principalmente nas maiores concentrações testadas neste estudo. *Colletotrichum gloeosporioides* foi geralmente mais suscetível aos tratamentos em comparação com *Aspergillus* sp., que apresentou maior resistência intrínseca. Essas descobertas reforçam a viabilidade dos óleos essenciais de cravo, hortelã-pimenta e melaleuca como opções ecologicamente corretas para o controle de fungos. Pesquisas adicionais são necessárias para elucidar seus mecanismos precisos de ação e validar sua eficácia por meio de aplicações *in vivo*, visando estratégias sustentáveis na agricultura e na preservação de alimentos.

Palavras-chave: qualidade de frutas, óleos vegetais, LCCt, ação fungicida

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Avaliação da ação antimicrobiana de Bio-AgNP contra *Listeria monocytogenes* e combinação binária com enterocina

Laura Boso Brida Cavichioli¹; Walter Luiz Cândido Closs¹; Maria Luiza Francisconi Lubanco Thomé¹; Mariana Homem De Mello Santos¹; Anastácia Nikolaos Deonas²; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹; Gerson Nakazato¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Bioquímica e Biotecnologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: laura.cavichioli@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

Listeria monocytogenes é uma bactéria patogênica Gram-positiva transmitida por alimentos, amplamente disseminada no ambiente. É o agente etiológico da listeriose, uma infecção sistêmica que pode se manifestar como bacteremia, meningite ou gastroenterite, principalmente em grupos de risco, como idosos, gestantes e recém-nascidos, com taxas de mortalidade variando entre 20% e 30%. Em produtos lácteos, o controle dessa bactéria é especialmente desafiador devido à sua resistência fisiológica e à capacidade de se multiplicar em temperaturas de refrigeração, característica de microrganismos psicrotróficos. Além disso, *L. monocytogenes* forma biofilmes em superfícies industriais, dificultando sua eliminação com métodos convencionais de higienização. Diante disso, há uma crescente demanda pelo uso de antimicrobianos alternativos, como nanopartículas de prata (AgNP) para o controle de *L. monocytogenes*. Portanto, o objetivo do estudo foi avaliar a atividade antimicrobiana de nanopartículas de prata biogênica (Bio-AgNP) adquirida da Gral Bioativos e combinação entre Bio-AgNP e enterocina proveniente da fermentação de *Enterococcus faecium* contra a cepa de *L. monocytogenes* Scott A. Em estudos anteriores foi observada a atividade antimicrobiana da enterocina por meio da metodologia de poço-difusão contra *L. monocytogenes*. A atividade antimicrobiana das Bio-AgNP foi avaliada por meio do método de microdiluição seriada em caldo, com determinação das concentrações inibitória mínima (CIM) e bactericida mínima (CBM). A interação entre os compostos sobre a atividade antibacteriana foi analisada utilizando a técnica de *Checkerboard*. Para o ensaio de CIM foi utilizada a concentração inicial das Bio-AgNP de 500 µM, sendo observada inibição do crescimento bacteriano na concentração de 62,5 µM e o CBM foi de 250 µM. A enterocina também foi submetida ao ensaio de micro diluição em caldo para determinar CIM em concentração inicial de 50%, porém não apresentou atividade inibitória nas condições experimentais testadas. O ensaio de combinação entre Bio-AgNP e enterocina não indicou interferência na ação antimicrobiana, mantendo-se os níveis de inibição observados com o uso isolado das Bio-AgNP. Os resultados obtidos evidenciam a eficácia das Bio-AgNP no controle de *L. monocytogenes* Scott A. Embora a enterocina não tenha apresentado efeito inibitório no ensaio de microdiluição, sua atividade em ensaios anteriores de poço-difusão justifica a investigação de combinações com outros agentes.

Palavras-chave: nanopartícula de prata, síntese verde, patógeno, Gram-positiva

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES

Avaliação da atividade antibacteriana de óleos essenciais de laranja contra *Alicyclobacillus* spp.

Rafaela Fátima Lima da Silva¹; Emilly Brito Ferreira²; Jean Lopes da Silva²; Pablo Ricardo Sanches de Oliveira²; Fabrícia Gimenes³; Arildo José Braz de Oliveira⁴; Regina Aparecida Correia Gonçalves⁴; Maria Eloisa Orosco Duda⁴; Benício Alves de Abreu Filho²

¹Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Maringá

²Programa de Pós-graduação em Ciência de Alimentos, Universidade Estadual de Maringá

³Departamento de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Estadual de Maringá

⁴Departamento de Farmácia, Universidade Estadual de Maringá

E-mail: rafaela.fatimalimasilva@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

A crescente demanda por alimentos com apelo natural e livres de aditivos químicos tem impulsionado a busca por alternativas antimicrobianas de origem vegetal. Nesse contexto, os óleos essenciais (OEs) destacam-se devido às suas propriedades antimicrobianas, antifúngicas e antioxidantes. A presença de bactérias do gênero *Alicyclobacillus* spp. em sucos cítricos representa um desafio para a indústria de suco de laranja concentrado. Essas bactérias são aeróbias, formadoras de esporos, termofílicas e acidofílicas, características que lhes conferem alta resistência, inclusive à pasteurização. A deterioração está associada à produção de guaiacol, composto responsável por alterações sensoriais, principalmente em odor e sabor, comprometendo a aceitabilidade do produto. Nesse cenário, o uso de antimicrobianos naturais se apresenta como uma estratégia promissora. Este estudo avaliou a eficácia de dois OEs comerciais de laranja, provenientes de marcas distintas (denominadas M1 e M2), contra *Alicyclobacillus* spp., em comparação ao conservante sintético sorbato de potássio. Foram testadas quatro cepas: *A. acidoterrestris* (CBMAI 0244^T), *A. herbarius* (CBMAI 0246^T), *A. sendaiensis* (KCTC 3843^T) e *A. acidiphilus* (CBMAI 0247^T). As cepas foram ativadas em caldo *Bacillus acidoterrestris* (BAT) e incubadas a 45 °C por 24 h. Após o crescimento, as suspensões bacterianas foram padronizadas pela escala de McFarland 0,5 ($1,5 \times 10^8$ UFC/mL). O teste de sensibilidade antimicrobiana foi realizado por difusão em disco: discos estéreis foram impregnados com 2 mg/mL de cada OE e sorbato, posteriormente incubados a 45 °C por 24 h. Os halos de inibição foram medidos em milímetros. O sorbato de potássio apresentou halo de 10 mm frente a *A. acidoterrestris* e de 8 mm para as demais cepas: *A. sendaiensis*, *A. herbarius* e *A. acidiphilus*. O OE M1 exibiu halos de 8 mm contra *A. acidoterrestris*, *A. herbarius* e *A. acidiphilus*, e de 9 mm frente a *A. sendaiensis*, com desempenho próximo ao conservante sintético. Já o OE M2 apresentou halos expressivamente maiores: 13 mm para *A. acidoterrestris* (62,5% superior ao M1 e 30% ao sorbato), 12 mm para *A. sendaiensis* (33,3% superior ao M1 e 50% ao sorbato) e *A. acidiphilus* (50% superior a ambos), e 9 mm contra *A. herbarius* (12,5% superior a ambos). Esses resultados evidenciam a superioridade da M2 sugerindo que diferenças na composição química dos óleos decorrentes de processos de extração, origem botânica e qualidade da matéria-prima podem impactar diretamente sua atividade antimicrobiana. Esses OEs demonstraram potencial alternativo natural ao sorbato de potássio no controle de *Alicyclobacillus* spp. em suco de laranja cítrico.

Palavras-chave: óleo essencial, antimicrobiano natural, sorbato de potássio, *Alicyclobacillus* spp.

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Avaliação da atividade antibacteriana e da estabilidade térmica do extrato hidrometanólico de *Matricaria chamomilla* L. frente a *Alicyclobacillus acidoterrestris*

Maria Regina Guedes¹; Pablo Ricardo Sanches de Oliveira²; Jean Lopes da Silva²; Emily Brito Ferreira²; Fabrícia Gimenes³; Benício Alves de Abreu Filho²

¹Departamento de Ciências Biológicas da Universidade Estadual de Maringá

²Programa de Pós-graduação em Ciência de Alimentos da Universidade Estadual de Maringá

³Departamento de Ciências Básicas da Saúde da Universidade Estadual de Maringá

E-mail: mariareginaguedes13@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

Alicyclobacillus acidoterrestris é um microrganismo deteriorante, ácido-termorresistente, com capacidade de formar esporos. Devido a essa característica, é encontrado em sucos cítricos industrializados, pois seus esporos conseguem sobreviver a altas temperaturas de processamento. Assim, o microrganismo pode se multiplicar e comprometer a qualidade de sucos e bebidas ácidas, devido ao seu metabolismo. A produção de metabólitos secundários por essa bactéria, representa um desafio para a indústria de suco de laranja concentrado de exportação. *Matricaria chamomilla* L., conhecida popularmente como camomila, possui compostos bioativos com potencial antimicrobiano. A fração hidrometanólica de *Matricaria chamomilla* L. foi obtida a partir dos capítulos florais secos. Assim, o objetivo do estudo foi avaliar a ação antibacteriana do extrato, antes e depois do tratamento térmico. Ressalta-se que o extrato passou por etapas de rotaevaporação e liofilização para eliminar solventes tóxicos, como o metanol. Além disso, futuramente serão realizados testes de citotoxicidade, visando a segurança do composto para possível aplicação na indústria alimentícia. Nos ensaios para avaliação da atividade antibacteriana, foi utilizado a cepa *A. acidoterrestris* (CBMAI 0244^T) para realização dos testes de Concentração Inibitória Mínima (CIM) e Concentração Bactericida Mínima (CBM), conforme a metodologia de microdiluição em placas de 96 poços, seguindo o protocolo CLSI M07-A11 (CLSI, 2018), utilizando o meio de cultura *Bacillus ácido terrestris* (BAT) a partir de uma suspensão padrão de acordo com a escala de McFarland 0,5 ($1,5 \times 10^8$ UFC/mL). O extrato foi diluído em BAT e TWEEN 80 a 5% e avaliado em concentrações que variaram de 0,0001 a 1000 µg/mL. Posteriormente, o microrganismo foi inoculado com 0,5 µL de suspensão padrão em cada poço. As microplacas foram incubadas a 45 °C durante 24 horas. A CIM foi definida medindo visualmente a concentração mais baixa de extrato que inibiu visualmente o crescimento bacteriano. Após a incubação, 20 µL de cada poço, com base no resultado da CIM, foram plaqueados em ágar BAT e incubados a 45 °C por 24 horas para posterior leitura, onde a menor concentração de crescimento bacteriano foi considerada a partir da concentração bactericida mínima. Foram realizados dois experimentos: o primeiro sem tratamento do extrato (A); o segundo com tratamento térmico (10 min/80 °C) no extrato (B). Após o período de incubação, observou-se visualmente que a CIM foi de 62,5 µg/mL, valor que se manteve para a CBM, tanto para os extratos A quanto B, indicando que o tratamento térmico aplicado não comprometeu a atividade antimicrobiana do extrato.

Palavras-chave: termorresistente, indústria, bioativo

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, CNPq, Fundação Araucária

Avaliação do crescimento do fungo *Pleurotus ostreatus* em substrato agroindustrial por fermentação em estado sólido

Eduarda Muraro de Castilhos¹; Murilo Medeiros Matthiesen¹; Karen Almeida de Araújo¹; Gabrielle Modesto Maroni¹; Luciano Aparecido Panagio¹

49

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: eduarda.muraro@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

Devido à crescente demanda por fontes alternativas de proteína alimentar, impulsionada pelo crescimento populacional e pelas preocupações ambientais associadas à produção convencional de carne, este estudo busca investigar o potencial do fungo *Pleurotus ostreatus* (cogumelo ostra) na produção de alimentos ricos em proteína. Este fungo é rico em micronutrientes, apresenta ampla adaptabilidade e se destaca como uma alternativa nutritiva e sustentável às fontes tradicionais de proteínas. Além disso, podem-se utilizar resíduos agroindustriais como substrato, como a casca de aveia, que é abundante, de baixo custo e de descarte ambientalmente problemático. O objetivo deste trabalho foi avaliar o crescimento micelial do fungo em diferentes condições, analisando a eficácia da casca de aveia como substrato para produção de proteína fúngica. Inicialmente, o fungo foi cultivado em meio ágar Sabouraud para obtenção do inóculo necessário. Posteriormente, para realização da fermentação em estado sólido, foram testadas diferentes combinações entre três parâmetros: quantidade de inóculo (10, 20 ou 30 discos miceliais de 6 mm cada), frequência de agitação mecânica (sem agitação, uma vez ao dia ou uma vez a cada dois dias) e umidade inicial do substrato (60%, 70% e 80%). Cada combinação experimental foi avaliada em triplicata. Para análise do crescimento, as placas de Petri dos respectivos tratamentos foram medidas com paquímetro, determinando o diâmetro da colônia micelial aos 72, 144 e 216 horas após a inoculação. Os dados obtidos foram submetidos à Análise de Variância (ANOVA) e, quando detectadas diferenças significativas entre os tratamentos, aplicou-se o teste post-hoc de Tukey para determinar a melhor condição para o crescimento fúngico. Os resultados indicaram que os tratamentos P4, P7 e P9 apresentaram crescimento micelial máximo (90 mm), sendo que esse valor foi atingido já em 144 horas, demonstrando alta eficiência das condições testadas. Esses dados sugerem que combinações com maior quantidade de inóculo, umidade elevada e frequência de agitação favorecem o crescimento de *Pleurotus ostreatus* em fermentação sólida. Conclui-se que a casca de aveia é um substrato válido para o cultivo do *Pleurotus ostreatus*. Etapas futuras do projeto incluirão a produção de farinha com micoproteína e o desenvolvimento de alimentos, como cookies, com posterior análise sensorial.

Palavras-chave: micoproteína, alimento sustentável, resíduo agrícola

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Avaliação do potencial sanitizante de diferentes compostos contra a cepa *Proteus mirabilis* ATCC 7002

Bianca Mayumi Susuki¹; Luana Carvalho Silva¹; Bruno Henrique Dias de Oliva¹; Arthur Bossi do Nascimento¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Bruna Larissa Covezzi¹; Beatriz Lerner Schoeps¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

50

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: bianca.mayumi.susuki@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

A desinfecção eficaz é uma etapa essencial em contextos laboratoriais, clínicos e industriais para o controle de microrganismos patogênicos. *Proteus mirabilis* é uma bactéria Gram-negativa da família Morganellaceae, associada principalmente a infecções do trato urinário, mas também já identificada em alimentos e ambientes diversos. Avaliar a eficácia de compostos sanitizantes contribui para o entendimento do potencial antimicrobiano frente a esse microrganismo. Este estudo teve como objetivo comparar a atividade sanitizante de cinco compostos – vinagre, hipoclorito de sódio a 1% e 2%, bicarbonato de sódio e uma formulação à base de hidrogenocarbonato de sódio – contra a cepa *P. mirabilis* ATCC 7002. Para isso, foram utilizados dez carreadores de aço inoxidável esterilizados por composto testado. Os carreadores foram inoculados com uma suspensão bacteriana obtida por diluição 1:100 de uma cultura previamente padronizada a 10⁶ células/mL e mantidos por 15 minutos. Em seguida, foram submetidos ao tratamento com os compostos, conforme instruções do fabricante ou receita caseira. Após a exposição, cada carreador foi transferido para tubos com caldo de crescimento, incubados a 37 °C por 24 horas. Os tubos com turvação foram submetidos a diluições seriadas e plaqueados em ágar MacConkey, para a contagem de unidades formadoras de colônias (UFC). Os resultados demonstraram que o hipoclorito de sódio a 2% foi o composto mais eficaz, inibindo totalmente o crescimento bacteriano. O hidrogenocarbonato de sódio também apresentou ação satisfatória, com ausência de crescimento nas placas. O bicarbonato de sódio resultou em turvação em todos os caldos e crescimento em uma placa, indicando baixa eficácia. Vinagre e hipoclorito de sódio a 1% permitiram crescimento bacteriano em 6 das 10 réplicas, indicando eficácia limitada. A análise estatística entre os grupos vinagre, hipoclorito a 1% e controle positivo foi realizada por meio do teste de Kruskal-Wallis, revelando que apenas o hipoclorito a 1% apresentou redução estatisticamente significativa na contagem de UFC em relação ao controle ($p < 0,05$). O vinagre não se diferenciou estatisticamente ($p > 0,05$). Conclui-se que o hipoclorito de sódio a 2% e o hidrogenocarbonato de sódio foram os sanitizantes mais eficazes testados contra a bactéria, promovendo inativação completa. O hipoclorito de sódio a 1% reduziu parcialmente a carga bacteriana, enquanto o bicarbonato de sódio apresentou efeito variável e o vinagre não demonstrou eficácia significativa nas condições testadas. Isso reforça a importância da escolha adequada de sanitizantes para controle microbiológico eficaz.

Palavras-chave: controle microbiológico, desinfecção, enterobactérias, inativação microbiana, saúde pública

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Capacidade de conjugação em cepas de *E. coli* resistentes à polimixina isoladas de hortaliças em Londrina, Paraná

Arthur Bossi do Nascimento¹; Luana Carvalho Silva¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Beatriz Leric Schoeps¹; Bianca Mayumi Susuki¹; Bruna Larissa Covezzi¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Laboratório de Bacteriologia, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina - PR

E-mail: arthur.bossi03@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

As hortaliças são componentes essenciais de uma dieta saudável e, por serem frequentemente consumidas cruas, representam uma via importante para a transmissão de microrganismos patogênicos, como *Escherichia coli*. Além de causar infecções, *E. coli* é capaz de transferir genes de resistência a outras bactérias por meio do processo de conjugação. Dentre essas resistências, destaca-se a resistência às polimixinas, antimicrobianos considerados de última linha no tratamento de infecções causadas por bactérias multirresistentes. A presença de cepas resistentes a esses antimicrobianos em hortaliças representa um sério risco à saúde pública, por contribuir para a disseminação desses genes em diferentes ambientes, uma vez que as hortaliças estão inseridas em diversas etapas da cadeia de produção. Diante desse cenário, o presente estudo teve como objetivo avaliar a capacidade de conjugação de 10 cepas de *E. coli* resistentes à polimixina, isoladas de hortaliças. As cepas desse estudo foram cultivadas em caldo LB suplementado com polimixina B (4 mg/L), enquanto a cepa receptora *E. coli* J53 foi cultivada em meio contendo azida de sódio (150 mg/L), ambos incubados por 24 horas a 37 °C. Após o crescimento, 20 µL da célula doadora e 180 µL da receptora foram inoculados em conjunto em placas de 96 poços e incubados por mais 24 horas. Em seguida, o conteúdo de cada poço foi transferido para ágar MacConkey contendo ambos os antimicrobianos. As colônias que cresceram no meio com ambos os antimicrobianos foram considerados transconjugantes. A confirmação dos transconjugantes foi feita fenotipicamente, inoculando as colônias em caldo LB contendo ambos antimicrobianos. Das 10 cepas analisadas, 4 foram capazes de transferir a resistência para a cepa receptora *E. coli* J53. Esses resultados reforçam o potencial de disseminação da resistência às polimixinas por meio de elementos genéticos móveis, especialmente no contexto da cadeia de produção de alimentos. Conclui-se que a conjugação exerce um papel relevante na propagação da resistência à polimixina, e que as hortaliças podem atuar como vetores potenciais nesse processo. Esses achados destacam a importância do monitoramento microbiológico desses alimentos, bem como a necessidade de estudos adicionais para identificar as fontes de contaminação e os mecanismos que favorecem a disseminação dessa resistência.

Palavras-chave: resistência antimicrobiana, hortaliças, conjugação bacteriana
Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Microbiota psicrotrófica lipolítica em linguças frescas de aves e suínos

Luan Rafael da Silva Santos¹; Samera Rafaela Bruzaroski¹; Maria Carolina Risso Milano¹; Daniel Pereira Rodrigues de Lima¹; João Henrique Zampieri¹; José Ailton Mantovani¹; Elsa Helena Walter de Santana¹

52

¹Programa de Mestrado e Doutorado em Saúde e Produção Animal, Universidade do Norte do Paraná - UNOPAR

E-mail: luanbiovet@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

As linguças frescas são produzidas com carne moída fresca de diferentes espécies, sendo as principais, a suína e a de frango. São favoráveis ao desenvolvimento de microrganismos deteriorantes como os psicrotróficos, que são associados a redução do tempo de prateleira e alterações sensoriais. Devido ao alto teor de gordura, são mais susceptíveis à ação de enzimas lipolíticas. O objetivo foi avaliar a população deteriorante psicrotrófica lipolítica em linguças frescas e a influência do tipo de carne na microbiota presente. Foram coletadas 20 amostras de linguça frescas de suíno e 20 de frango de diferentes lotes em supermercados de Londrina (Paraná, Brasil). Determinou-se, em duplicata, a população de psicrotróficos (PS) em *Plate Count Agar* (7° C/10 dias), e de psicrotróficos lipolíticos (PL), em *Tributyryn Agar Base* (1% de tributirina) (21°C/48 h). As amostras foram encaminhadas ao laboratório de microbiologia de alimentos da Unopar e fracionadas em 2 alíquotas (200 g cada). A primeira foi analisada no mesmo dia da coleta (dia 1) e a segunda foi armazenada em embalagens estéreis a 4°C/8 dias. O período de estocagem baseou-se no tempo de prateleira médio dos embutidos fracionados. Considerando a influência do tipo de carne na microbiota das linguças, as amostras do tipo suína no dia 1 apresentaram maior população de PS ($1,4 \times 10^5$ UFC/g) e PL ($6,22 \times 10^4$ UFC/g) ($p < 0,05$) comparada as amostras de frango (PS = 4×10^4 UFC/g e PL = $1,9 \times 10^4$ UFC/g). No dia 8, apenas a população de PL alterou seu padrão microbiológico. A linguça de frango apresentou maior contagem ($1,5 \times 10^5$ UFC/g) que a suína ($5,9 \times 10^4$ UFC/g) ($p < 0,05$), aumentando a probabilidade de alterações sensoriais devido à ação de lipases microbianas na linguça de frango nesse dia. Ao considerar a microbiota de cada tipo de linguça, de maneira independente, o tempo de estocagem foi associado ($p < 0,05$) ao aumento na população apenas para a linguça de frango, com 7,1 e 7,7 vezes mais PS e PL, respectivamente, com 8 dias. Este resultado indicou que o binômio tempo/ temperatura de estocagem favoreceu a multiplicação bacteriana, com prováveis defeitos sensoriais e redução de tempo de prateleira. Assim, os defeitos associados a ação de enzimas lipolíticas devem ser encontrados com maior frequência nas linguças suínas. Quanto a variação da microbiota para cada tipo de linguça, a melhor qualidade microbiológica foi observada nas linguças de frango com 1 dia, e as de suíno com 8 dias.

Palavras-chave: embutidos, microbiota, deteriorantes

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Sequências de inserção do gene *blaKPC-2* em *Proteus mirabilis* isolados de hortaliças comercializadas na cidade de Londrina, Paraná, Brasil

Luana Carvalho Silva¹; Bruno Henrique Dias de Oliva²; Arthur Bossi do Nascimento¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Beatriz Leric Schoeps¹; Bianca Mayumi Susuki¹; Bruna Larissa Covezzi¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Laboratório de Bacteriologia, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina - PR

²Laboratório de Químico Biologia Computacional, Universidade de São Paulo (USP), Ribeirão Preto-SP

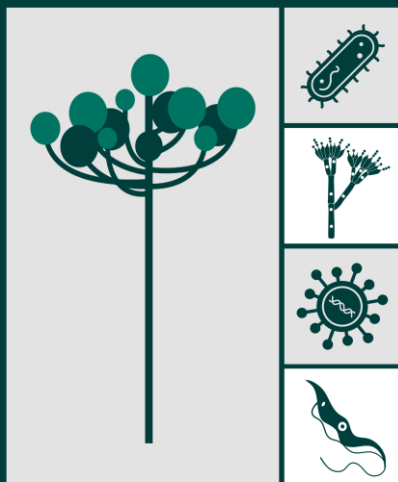
E-mail: luana.carvalho@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia de Alimentos

A presença de genes de resistência a antimicrobianos flanqueados por sequências de inserção (IS) representa uma importante estratégia evolutiva bacteriana. Esses elementos genéticos móveis carregam genes de enzimas do tipo transposases que possibilitam sua mobilização, favorecendo sua inserção em plasmídeos, integrons ou regiões altamente expressas do genoma. Essas IS contribuem significativamente para a rápida propagação da resistência antimicrobiana entre diferentes espécies bacterianas, especialmente em ambientes sob pressão seletiva. O sequenciamento do genoma total de *Proteus mirabilis* portadores do gene *blaKPC-2* isolados de hortaliças comercializadas na cidade de Londrina, Paraná, foi realizado na plataforma Illumina MiSeq. A partir dos dados brutos obtidos em formato FASTA de dois isolados de *P. mirabilis* (LBUEL PMV49 e LBUEL PMV103), a anotação automática foi realizada por meio do software Rapid Annotation using Subsystem Technology (RAST), e a comparação entre genomas foi realizada com o auxílio do software Clinker, sendo extraídas e analisadas regiões de 5.000 pares de bases (pb) a montante e a jusante do gene *blaKPC-2*, o que permitiu a visualização de arranjos gênicos conservados, através de uma visualização interativa, a partir de gráficos de sintenia. Após o alinhamento, através da ferramenta BLAST disponível no site National Center of Biotechnology Information (NCBI), as sequências de inserção foram identificadas. Nossos resultados revelaram a presença do gene *blaKPC-2* flanqueado por elementos móveis distintos, como ISKpn6 e o transposon Tn3, permitindo a visualização da conservação do arranjo ISKpn6–*blaKPC-2*–Tn3 entre os dois isolados. A ISKpn6, uma sequência de inserção frequentemente associada a *Klebsiella pneumoniae*, codifica uma transposase que pode atuar na mobilização do gene de resistência, enquanto o Tn3, um transposon clássico contendo genes de transposase e resolvase (*tnpA* e *tnpR*), reforça sua versatilidade e o potencial de disseminação horizontal do gene, principalmente por ter sido encontrada em outra espécie bacteriana. Esses achados sugerem que o *blaKPC-2* está inserido em uma estrutura móvel híbrida e funcional, que pode facilitar sua propagação entre diferentes espécies bacterianas. Essas informações corroboram para a disseminação horizontal da resistência aos carbapenêmicos, visto que a fonte de isolamento bacteriano foram hortaliças. Somatizado a essa problemática, o consumo de hortaliças, consumidas *in natura* e, muitas vezes mal higienizadas, e ainda, com a possibilidade de contaminação cruzada, representa um importante fator de risco para a disseminação de microrganismos patogênicos contendo genes, como *blaKPC-2*, no ambiente doméstico.

Palavras-chave: bioinformática, sequenciamento, Morganellaceae, patógenos alimentares

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES



V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

RESUMOS

MICROBIOLOGIA MÉDICA HUMANA



Ação bactericida de nanopartículas de prata em *Providencia stuartii*: Uma análise baseada em curva de tempo de morte

Bruna Larissa Covezzi¹; Luana Carvalho Silva¹; Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Beatriz Leric Schoeps¹; Bianca Mayumi Susuki¹; Arthur Bossi do Nascimento¹; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Laboratório de Bacteriologia, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina - PR

E-mail: bruna.covezzi123@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

O gênero *Providencia*, pertencente à família Morganellaceae, abrange espécies de importância clínica, sendo *Providencia stuartii* um patógeno oportunista frequentemente identificado em infecções do trato urinário, especialmente associadas ao uso de cateteres urinários. Algumas cepas de *P. stuartii* podem apresentar resistência a antibióticos beta-lactâmicos, tendo seu tratamento limitado diante das opções terapêuticas. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito e o tempo da ação bactericida das nanopartículas de prata (AgNPs) sobre cepas de *P. stuartii* produtoras de beta-lactamase de espectro estendido (ESBL), visando seu uso como uma possível estratégia terapêutica. Foram utilizadas 30 cepas de *P. stuartii*, da Bacterioteca do Laboratório de Bacteriologia, da Universidade Estadual de Londrina (UEL). Para os testes, as cepas foram cultivadas em ágar Mueller-Hinton (MHA) a 37 °C por 24 horas. O inóculo foi ajustado na concentração de 1×10^6 UFC/mL. Após esta etapa, para a realização da curva de morte, cada cepa foi inoculada em dois tubos: um controle, contendo apenas caldo MHB e outro teste, contendo caldo MHB suplementado com AgNPs na concentração correspondente à concentração bactericida mínima (CBM) previamente determinada para cada cepa. Os testes foram realizados em intervalos 0', 15', 30', 60', 2h, 4h, 8h, 12h, e 24h, com os tubos incubados a 37°C uma alíquota de 10 µL de cada tubo foi retirada e diluída de forma seriada em salina e distribuída em triplicata em placas de MHA para a realização da contagem de unidades formadoras de colônia (UFC). Após incubação por 24 horas, foi realizada a contagem de UFC/mL e a realização das curvas de tempo de morte, onde podemos observar uma redução significativa da viabilidade celular cepas de *P. stuartii* tratadas com AgNPs, quando comparadas ao grupo controle. Observou-se que, na maioria das cepas, houve uma queda acentuada na contagem de UFC/mL nas primeiras 2 a 4 horas de exposição, com eliminação completa da viabilidade bacteriana após 4 horas em todas as cepas. Esse efeito foi consistente entre os diferentes padrões de resistência, demonstrando que as AgNPs exercem efeito bactericida rápido e eficaz, independentemente do perfil de resistência antimicrobiana das cepas. Os dados obtidos demonstram que as AgNPs possuem um potencial antimicrobiano promissor frente a cepas de *P. stuartii*, apresentando-se como uma alternativa eficaz ao tratamento de infecções causadas por patógenos resistentes, reforçando a importância do desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas baseadas em nanomateriais.

Palavras-chave: ESBLs, Morganellaceae, AgNPs

Apoio financeiro ou bolsa: CNPQ

Análise imunohistoquímica de nódulos induzidos por *Paracoccidioides lutzii* nas formas planctônica e biofilme em larvas de *Galleria mellonella*

Bianca Dorana de Oliveira Souza¹; Janneth Josefina Escobar Arcos²; Ricardo Sergio Couto de Almeida²; Renata Katsuko Takayama Kobayashi²; Natália Harumi Shoji¹; Giovanna Maria Shimizu Daguano¹; Eiko Nakagawa Itano^{1,2}

¹Departamento de Imunologia, Parasitologia e Patologia Geral, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: souza.biancadorana@uel.br

Área de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A paracoccidioidomicose (PCM) é uma micose sistêmica causada pelos fungos termodimórficos *Paracoccidioides brasiliensis* e *P. lutzii*. Cepas distintas podem apresentar diferenças na expressão de proteínas de virulência e na resposta imune do hospedeiro. Além disso, a formação de biofilme — uma comunidade microbiana aderida a superfícies e envolta por matriz extracelular própria — também pode influenciar a virulência e a patogênese fúngica. Estudos sobre fatores de virulência de *P. lutzii*, como expressão proteica e formação de biofilme, ainda são escassos. Sabe-se, por exemplo, que essa espécie não induz granulomas pulmonares de forma semelhante a *P. brasiliensis*. Embora modelos murinos sejam frequentemente utilizados, o inseto *Galleria mellonella* tem se mostrado um modelo alternativo eficiente para o estudo da PCM, permitindo a análise de resposta imune e histopatologia. Este estudo teve como objetivo analisar a expressão de antígenos de alta massa molecular (hMM) e gp70 de *P. lutzii* em nódulos infecciosos formados em larvas de *G. mellonella* infectadas com as formas planctônica e biofilme do fungo. Leveduras planctônicas (isolado LDR2) foram cultivadas em ágar Sabouraud dextrose a 4%, e o biofilme foi desenvolvido em meio RPMI com 2% de glicose, 10% de soro fetal bovino e antibióticos (gentamicina e ampicilina) por seis dias. Em seguida, os fungos foram utilizados para infectar larvas de *G. mellonella* (1×10^6 leveduras/mL, n=2) por 24 horas. Após a infecção, os corpos adiposos e outras estruturas internas das larvas foram extraídos, fixados, incluídos em parafina e seccionados (5 µm). As lâminas foram submetidas à técnica de imunohistoquímica (IHQ) utilizando os anticorpos monoclonais anti-hMM (mAbhMM) e anti-gp70 (mAbgp70). Como controle positivo, utilizou-se um pool de soro de pacientes com PCM, e como controle negativo, tampão contendo BSA 1% e Triton X-100 a 0,1%. As infecções com formas planctônicas e em biofilme de *P. lutzii* resultaram em nódulos com morfologia granulomatosa distinta, sendo os induzidos pelas células planctônicas maiores. Leveduras foram detectadas no centro dos nódulos e foram positivas para hMM e gp70. A marcação com mAbhMM foi mais intensa em regiões com maior presença de melanina. Conclui-se que *P. lutzii* é capaz de formar nódulos infecciosos em *G. mellonella* em ambas as formas morfológicas, expressando antígenos hMM e gp70. A diferença na morfologia sugere distintas respostas imunológicas induzidas pelas formas planctônica e biofilme.

Palavras-chave: granuloma, micose, paracoccidioidomicose

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, Fundação Araucária

Análise microbiológica e epidemiológica das pneumonias associadas a ventilação mecânica, de pacientes internados durante a pandemia COVID-19

Maria Julia Onça Moreira¹; Alanis Cassamassimo Cardoso¹; Larissa Sugiura¹; Pedro Olimpio Siqueira Castilho¹; Evelyn Poliana Candido¹; Marsileni Pelisson¹; Renato Rubia Garcia Junior¹; Milena Yoku Sasaki¹; Eliana Carolina Vespero¹

¹Departamento de Patologia, Análises Clínicas e Toxicológicas, Centro de Ciências da Saúde da Universidade Estadual de Londrina

E-mail: maria.julia.onca@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A pneumonia associada à ventilação mecânica (PAV) é uma infecção pulmonar que ocorre em pacientes submetidos à ventilação invasiva, no mínimo 48 horas, após a internação. Trata-se de uma das principais infecções hospitalares, frequentemente associada ao uso prolongado de dispositivos invasivos em Unidades de Terapia Intensiva (UTIs). Apesar do risco aumentado de infecção, a ventilação mecânica (VM) desempenha um papel essencial na estabilização de pacientes críticos, especialmente aqueles com Síndrome do Desconforto Respiratório Agudo (SDRA), permitindo estratégias de ventilação protetiva. Durante a pandemia de COVID-19, o uso intensificado de VM e a ampla administração de antimicrobianos contribuíram para o aumento da resistência bacteriana, um problema que compromete a eficácia dos tratamentos disponíveis e agrava o quadro clínico dos pacientes. Por isso, este estudo teve como objetivo avaliar o perfil epidemiológico dos pacientes com PAV internados, no Hospital Universitário de Londrina, de janeiro de 2020 e março de 2022, além de analisar o perfil de sensibilidade do principal microrganismo isolado a partir de amostras de aspirado traqueal. O estudo, incluiu 763 pacientes diagnosticados com pneumonia, dos quais 69,2% foram classificados como PAV, utilizando critérios clínicos e microbiológicos. A identificação e o perfil de sensibilidade dos microrganismos foram analisados utilizando o sistema automatizado VITEK® 2 Compact (bioMérieux). A maioria dos pacientes eram do sexo masculino (61,6%), e com idade igual ou superior a 60 anos (53,8%). As comorbidades mais frequentes foram hipertensão arterial (31,9%), diabetes mellitus (19,2%) e a obesidade (18,3%). Os resultados evidenciaram que *Acinetobacter baumannii* foi isolado em 44,9% das amostras analisadas, com 82,6% das cepas resistentes a carbapenêmicos (CR), limitando significativamente as opções terapêuticas. A mortalidade associada foi elevada, com 60% dos pacientes evoluindo para óbito, evidenciando a gravidade da PAV e a relevância desse problema no cenário hospitalar. O monitoramento contínuo do perfil de sensibilidade dos microrganismos na PAV é essencial para garantir um diagnóstico precoce, terapias adequadas e estratégias mais eficazes, contribuindo para a redução da morbidade e mortalidade associada.

Palavras-chave: PAV, *Acinetobacter baumannii*, carbapenêmicos

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Atividade anti-herpética de formulação cosmética contendo di-ramnolipídeos

Letícia Grejo de Oliveira¹; Jonathan Ratko¹; Josiane Alessandra Vignoli¹; André Luiz Dyna²; Gabriel Norato²; Briani Gisele Bigotto²; Lígia Carla Faccin Galhardi²; Doumit Camilios Neto¹

¹Departamento de Biotecnologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: leticia.grejo.o@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

O herpes genital é uma infecção sexualmente transmissível (IST) de alta prevalência global. Os tratamentos antivirais podem apresentar toxicidade e efeitos colaterais adversos, limitando seu uso prolongado. Ramnolipídeos, biossurfactantes naturais produzidos por *Pseudomonas aeruginosa*, destacam-se por suas propriedades cicatrizantes, baixa toxicidade, biodegradabilidade e biocompatibilidade. Além disso, sua natureza anfipática confere potencial antiviral, atuando na desestabilização de membranas lipídicas e envelopes virais. Este estudo visou investigar a ação antiviral de um gel genital contendo ramnolipídeos, contra o HSV-2. Células Vero (ATCC CCL 81) foram cultivadas e mantidas a 37 °C e 5% de CO₂. O HSV-2 foi propagado e armazenado a -80 °C. Os ramnolipídeos foram obtidos por cultivo submerso de *P. aeruginosa*, incubado por 10 dias sob condições otimizadas. O sobrenadante foi acidificado a pH 2,0 com HCl 1M. A fração precipitada foi recuperada por centrifugação (4500rpm, 20 min, 4 °C) e submetida à extração com clorofórmio:metanol (9:1, v/v), o extrato orgânico contendo os ramnolipídeos foi submetido para análise de composição por cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas, apresentando 97,6 % de di-ramnolipídeos. O extrato orgânico foi submetido a evaporação em pressão negativa, solubilizado em água, congelado e liofilizado para os testes. A citotoxicidade e a atividade virucida foram avaliadas por ensaio de MTT, com base na densidade óptica, utilizando o cálculo da dose citotóxica 50% (CC₅₀). A atividade antiviral do gel genital seguiu a norma EN 14476:2013+A2:2019, adaptada para o tempo de 1 minuto. A quantificação da infectividade viral foi realizada pelo cálculo de dose infectante em cultura de tecidos 50% (TCID₅₀) segundo Reed-Muench. O ramnolipídeo demonstrou CC₅₀ de 60,55% na concentração de 2%, aumentando a viabilidade celular para 96,38% em 0,0002%. Quanto à atividade virucida, demonstrou 100% de inibição viral do HSV-2 em 3% após 1 minuto de exposição, e 100% de inibição em todas as concentrações testadas (0,5% a 3%) após 1 hora indicando ação virucida completa com o aumento do tempo de incubação. A formulação base, sem os ativos, não demonstrou efeito antiviral significativo, como evidenciado pelo resultado do controle viral (4,6E4 TCID₅₀). Os resultados indicam que o gel genital contendo ramnolipídeo apresenta potente atividade antiviral *in vitro* contra o HSV-2, com baixa citotoxicidade, sendo uma alternativa natural promissora ao tratamento convencional do herpes genital.

Palavras-chave: HSV-2, biossurfactantes, atividade virucida, tratamento tópico

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Atividade antibacteriana *in vitro* do antidepressivo cloridrato de clomipramina sobre *Escherichia coli* e *Staphylococcus aureus*

Hélito Volpato¹; Vanessa Conceição da Silva¹

59

¹Laboratório de Bioquímica e Microbiologia, Colegiado do Curso de Ciências Biológicas, Universidade Estadual do Paraná (UNESPAR), Campus Paranavaí

E-mail: helito.volpato@ies.unespar.edu.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A Organização Mundial da Saúde (OMS) considera a resistência bacteriana como um grave problema de saúde pública, e diversos estudos tem relacionado isso ao uso abusivo de antibióticos, onde a falta de conhecimento e também a automedicação promovem a indução desse fator. Diversas são as estratégias na busca de novos fármacos com atividade antibacteriana, sendo uma dessas o reposicionamento de medicamentos, uma via que utiliza medicamentos já aprovados para outros tipos de enfermidades, sendo considerada uma estratégia menos dispendiosa e mais rápida. O cloridrato de clomipramina é um fármaco utilizado no tratamento de transtornos psiquiátricos, como por exemplo, transtorno obsessivo compulsivo. Estudos têm demonstrado diversos efeitos biológicos do cloridrato de clomipramina, como por exemplo, efeito antiprotozoário em *Trypanosoma* sp. e *Leishmania* sp. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito do cloridrato de clomipramina sobre *Escherichia coli* e *Staphylococcus aureus* através do método da microdiluição em caldo. Para isso, o composto foi diluído em caldo Muller-Hinton para obter diversas concentrações em placa de 96 poços. Em seguida, a partir de uma suspensão padrão (0,5 escala de McFarland) de *E. coli* (ATCC 25922) e *S. aureus* (ATCC 25923), foi adicionado em cada poço e realizado a incubação em estufa a 36°C por 24 h. A determinação da atividade antibacteriana foi determinada pela ausência total da turvação do respectivo tratamento a fim de obter a concentração mínima inibitória (CMI). Após o período de incubação, foi realizado subcultura em ágar Muller-Hinton das concentrações que demonstraram atividade antibacteriana a fim de obter a concentração mínima bactericida (CMB). As placas foram incubadas em estufa a 36°C por 24 h e após o período foi observado a formação ou não de colônias bacterianas. Os resultados demonstraram atividade antibacteriana do cloridrato de clomipramina sobre *E. coli* e *S. aureus* apresentando uma CMI de 31 µg/mL para ambas espécies. Em relação à CMB, obtivemos 62 µg/mL para *E. coli* e 31 µg/mL para *S. aureus*, demonstrando que o composto cloridrato de clomipramina apresenta atividade bactericida. Os resultados apresentados são de três experimentos independentes. Conclui-se por meio desta pesquisa que o fármaco cloridrato de clomipramina apresenta atividade antibacteriana *in vitro* nas espécies *E. coli* e *S. aureus*, demonstrando ser um candidato interessante aos estudos de reposicionamento de medicamentos.

Palavras-chave: reposicionamento, antibacteriano, resistência bacteriana

Apoio financeiro ou bolsa: Núcleo de Pesquisa em Ensino de Ciências e Biologia (NUPECIBI) e Laboratório de Inovação Tecnológica no Desenvolvimento de Fármacos e Cosméticos

Atividade antifúngica combinada de óleo essencial de *Origanum vulgare* e nanopartículas de prata biogênicas contra *Candida* spp.

Kymberlli Angel Oliveira Costa¹; Lais Fernanda de Almeida Spoladori¹; Leonardo Niro dos Santos¹; Lucas Men Greco¹; Leonardo Dib de Sousa Abussafi¹; Galdino Andrade Filho¹; Gerson Nakazato¹; Eliandro Reis Tavares¹; Lucy Megumi Yamauchi¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: costakymberlli6@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

O gênero *Candida* abrange cerca de 200 espécies fúngicas, o principal representante deste gênero é a *Candida albicans*. Embora a *Candida* faça parte da microbiota normal dos humanos, ela pode invadir e causar doenças quando ocorre um desequilíbrio no ambiente em que esses organismos normalmente coexistem. As infecções por espécies de *Candida* manifestam-se de diversas formas, podendo variar desde infecções localizadas nas membranas mucosas até casos de disseminação generalizada que resultam em falência multissistêmica de órgãos. A resistência antifúngica tem se tornado um desafio crescente no tratamento de infecções causadas por leveduras do gênero *Candida*, principalmente em pacientes imunossuprimidos. Nos últimos anos, os óleos essenciais e as nanopartículas metálicas têm sido amplamente estudados como fontes promissoras de ativos antimicrobianos, e a estratégia de combinação de substâncias é uma das formas mais empregadas para contornar o aumento da seleção de cepas resistentes. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito isolado e combinado do óleo essencial de *Origanum vulgare* (orégano) e de nanopartículas de prata biogênicas (bioAgNPs), obtidas pela redução de AgNO₃ a partir do extrato aquoso da casca de *Trichilia catigua* Adr. Juss, sobre as cepas *C. albicans* ATCC 26790, *C. glabrata* ATCC 2001, *C. tropicalis* ATCC 28707, *C. parapsilosis* ATCC 22019 e *C. krusei* ATCC 34135. A Concentração Inibitória Mínima (CIM) e a Concentração Fungicida Mínima (CFM) foram determinadas pela técnica de microdiluição em caldo (CLSI M60, 2017). A combinação dos compostos foi analisada pela técnica de checkerboard e interpretada pelo cálculo do índice de concentração inibitória fracionada (FICI), sendo considerado efeito sinérgico (FICI ≤ 0,5), indiferente (FICI > 0,5 a 4) e antagônico (FICI > 4). O óleo de orégano apresentou efeito antifúngico para todas as cepas testadas, com valores de CIM entre 125 e 500 µg/mL e CFM de 1000 µg/mL, com melhor desempenho contra *C. parapsilosis* ATCC 22019. As bioAgNPs apresentaram atividade fungicida, com CFM variando entre 0,41 e 1,67 µg/mL. Observou-se sinergismo entre as substâncias em cinco das seis cepas testadas (FICI < 0,3), exceto para *C. parapsilosis* ATCC 22019, na qual o efeito observado foi indiferente (FICI = 0,62). A ausência de antagonismo e a presença de sinergismo sugerem que a associação entre o óleo essencial de orégano e bioAgNPs representa uma alternativa promissora para o desenvolvimento de novas terapias antifúngicas, sobretudo frente a cepas resistentes.

Palavras-chave: óleo essencial, nanopartículas de prata verde, resistência antifúngica, sinergismo

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Atividade antimicrobiana de formulações semissólidas contendo inibidores seletivos de recaptção de serotonina contra patógenos associados a queimaduras

Livia Maria Leonardi¹; Thiago Hideo Endo²; Mariana Homem de Mello Santos²; Renata Katsuko Takayama Kobayashi³

¹Discente do curso de Biomedicina, Universidade Estadual de Londrina, Paraná, Brasil. Bolsista CNPq (Edital 003/2021 – Programa de Iniciação em Desenvolvimento Tecnológico).

²Doutorando(a) em Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina, Paraná, Brasil.

³Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina, Paraná, Brasil.

E-mail: livia.maria.leonardi@uel.br

Área do conhecimento: Microbiologia Médica Humana

As infecções bacterianas representam uma das principais complicações em pacientes com queimaduras, sendo frequentemente associadas à colonização por patógenos multirresistentes, como *Staphylococcus aureus* (incluindo cepas MRSA) e *Pseudomonas aeruginosa*, pertencentes ao grupo ESKAPEE. A crescente resistência bacteriana aos antibióticos tradicionais demanda a busca por novas abordagens terapêuticas. O reposicionamento de fármacos, como os inibidores seletivos de recaptção de serotonina (ISRS), tem se mostrado uma estratégia promissora, visto que estudos recentes demonstram atividade antimicrobiana desses compostos. Este estudo teve como objetivo avaliar a atividade antimicrobiana de formulações semissólidas contendo dois fármacos da classe ISRS amplamente utilizados, aplicadas topicamente sobre patógenos relacionados a infecções em queimaduras. Foram desenvolvidos géis semissólidos contendo 10 mg/mL dos fármacos em diferentes bases gelificantes, além de uma formulação controle isenta de agente ativo. As formulações foram submetidas a testes físico-químicos (pH, densidade), organolépticos (cor, odor, aspecto), estabilidade (15 dias a 4 °C e 40 °C), espalhabilidade e centrifugação. A atividade antimicrobiana foi avaliada *in vitro* por ensaio de difusão em poço em ágar e curvas de sobrevivência bacteriana. Os resultados mostraram que as formulações mantiveram estabilidade física e química após 15 dias, com pH variando entre 6,85 e 7,3 e densidade estável. No teste de difusão, observou-se formação de halos de inibição contra *S. aureus* ATCC 6538 (2,8 cm) e MRSA N315 (2,51 cm), e atividade moderada frente a *P. aeruginosa* ATCC 27853 (1,27 cm). As curvas de sobrevivência demonstraram redução na viabilidade bacteriana ao longo de 24 horas de exposição. Esses achados indicam que os ISRS avaliados possuem potencial de uso como agentes antimicrobianos tópicos, especialmente em formulações para tratamento de queimaduras infectadas. A proposta se destaca por utilizar fármacos já aprovados e amplamente disponíveis, o que pode acelerar sua aplicação clínica mediante novos estudos. A continuidade da pesquisa incluirá testes em modelo *ex vivo* com pele suína e modelo *in vivo* com *Galleria mellonella*, a fim de validar a eficácia em sistemas biológicos mais complexos.

Palavras-chave: resistência bacteriana, formulações tópicas, ISRS, queimaduras, *Staphylococcus aureus*

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Atividade antimicrobiana de óleos essenciais de lavanda e tomilho contra patógenos bacterianos

Kawane Vitória Adami¹; Gabriele Rhanna Daineis¹; Leticia Comazi de Lima Souza¹; Luciana Furlaneto-Maia¹; Thamires Romera da Silva¹; Marcia Cristina Furlaneto¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: kawane.vitoria@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A resistência microbiana representa um desafio crescente à saúde pública, comprometendo a eficácia dos tratamentos convencionais. A busca por métodos alternativos para o controle de patógenos microbianos tem crescido, em particular, pelo emprego de compostos antimicrobianos de origem natural. Dentre estes, destacam-se os óleos essenciais de origem vegetal, a exemplo de óleo de tomilho e de lavanda, que têm sido avaliados contra bactérias de relevância clínica e de veiculação alimentar. Para avaliação da atividade antibacteriana foi empregada a técnica de poço difusão, onde foram medidos o diâmetro da zona de inibição de crescimento e expressos em milímetros (mm). A análise estatística foi realizada pelo teste ANOVA e Tukey. A determinação da concentração inibitória mínima (CIM) dos óleos essenciais foi realizada pela metodologia de microdiluição em caldo e a determinação da concentração bactericida mínima (CBM) pelo método de plaqueamento. Foi adotado o critério descrito na literatura, segundo o qual relação entre CBM/CIM ≤ 4 indica atividade bactericida, enquanto valores superiores a 4 são indicativos de ação bacteriostática. O óleo essencial de lavanda apresentou atividade antibacteriana com halos de inibição de 34mm para *L.monocytogenes*, *S.aureus* e *E.faecalis*. Os valores de CIM e CBM de óleo de lavanda contra *S. aureus* e *L. monocytogenes* foi de 112,5 µg/mL com relação CBM/CIM de 1. Já para *E. faecalis* o valor de CIM foi de 112,5 µg/mL e CBM foi de 225 µg/mL, resultando em uma relação de CBM/CIM de 2, também com perfil bactericida. Já o óleo essencial de tomilho apresentou atividade contra *K.pneumoniae* e *E.faecalis* com halos de inibição de 29mm e 31,3mm respectivamente, e menor atividade contra *S.aureus* com halo de inibição de 14mm. Os valores de CIM e CBM de óleo de tomilho contra *K.pneumoniae* e *E.faecalis* foi de 1,73 µg/mL e 0,86 µg/mL com relação CBM/CIM de 1. Já para *S.aureus* o valor de CIM e CBM foram de 6,25 µg/mL resultando em uma relação CBM/CIM de 1, caracterizando um perfil bactericida para todas as cepas. De maneira geral, os resultados evidenciam o potencial bactericida dos óleos essenciais de lavanda e tomilho, com possível aplicação terapêutica e na indústria de alimentos como alternativa aos conservantes sintéticos para fins de segurança alimentar.

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus faecalis*, bactericida

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Atividade antiparasitária de 4-bromo-*n*-(3-nitrofenil) carbamotiol benzamida em modelo experimental de infecção por *Trypanosoma cruzi*

Lucas Felipe dos Santos¹; Raquel Pires Nakama²; Leonardo Berto-Pereira²; Mateus Rodrigues Oliveira Viana²; Eliandro Reis Tavares¹; Karina Keller Marques da Costa Flaiban⁴; Marcelle de Lima Ferreira Bispo³; Sueli Fumie Yamada Ogatta¹; Maria Isabel Lovo-Martins²; Phileno Pinge-Filho^{1,2}

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina, Londrina

²Departamento de Imunologia, Parasitologia e Patologia, Universidade Estadual de Londrina

³Departamento de Química, Universidade Estadual de Londrina

⁴Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: lucas.felipesantos9@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A doença de Chagas, causada pelo *Trypanosoma cruzi*, representa um importante desafio devido à limitada eficácia das terapias atualmente disponíveis. Dessa forma, novas alternativas terapêuticas são necessárias para o tratamento da doença de Chagas. O objetivo deste trabalho foi investigar o efeito do composto 4-bromo-N-(3-nitrofenil) carbamotiol benzamida (BTU-1p) quanto à sua capacidade antiparasitária em macrófagos infectados e avaliar, em camundongos, sua toxicidade e seus efeitos sobre a infecção. Para isso, *in vitro* macrófagos derivados da medula óssea (BMDMs) de camundongos BALB/c foram infectados por formas tripomastigotas de cultura da cepa Y de *T. cruzi* por 18 horas e, em seguida, tratados com BTU-1p (15 a 120 µM) por 48h, quando os macrófagos/sobrenadantes foram analisados. A viabilidade celular foi avaliada tanto nos macrófagos quanto nas formas tripomastigotas após exposição ao BTU-1p. Em macrófagos infectados, foram avaliados o índice de amastigotas intracelulares e a cinética de liberação de tripomastigotas. *In vivo*, camundongos BALB/c foram tratados por via oral com BTU-1p (12,5; 25; 50 mg/kg), água ou DMSO 2% (controles) durante 28 dias para avaliação de toxicidade, através da avaliação de parâmetros bioquímicos e fisiológicos. Adicionalmente, camundongos infectados com 500 formas tripomastigotas da cepa Y de *T. cruzi* (i.p.) foram tratados por via oral com BTU-1p (12,5 mg/kg) durante 15 ou 28 dias. A parasitemia foi monitorada durante a fase aguda (5º ao 29º dia) e durante a fase crônica (sob imunossupressão, entre o 73º e o 90º dia). A carga parasitária cardíaca foi quantificada nos dias 15 e 90 pós-infecção. O protocolo foi aprovado pela CEUA/Uel (nº 023.2022). *In vitro*, a BTU-1p reduziu significativamente a viabilidade das formas tripomastigotas ($p < 0,0001$), sem comprometer a viabilidade dos macrófagos. Em macrófagos infectados, a BTU-1p apresentou atividade anti-*T. cruzi*, reduzindo o número de amastigotas ($p < 0,0001$) e a liberação de tripomastigotas ($p < 0,01$). Os parâmetros bioquímicos e fisiológicos não indicaram toxicidade. A BTU-1p reduziu a parasitemia na fase aguda, controlou o parasito sob imunossupressão ($p < 0,05$) e preservou a sobrevivência até o 90º dia (100%), além de diminuir a carga parasitária cardíaca em ambas as fases da doença ($p < 0,001$). Esses resultados indicaram que a BTU-1p apresentou efeito antiparasitário e potencial como candidato terapêutico para a doença de Chagas.

Palavras-chave: alternativa terapêutica, benzoiltiureias, doença de Chagas, modelo murino

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES

Atividade antiprotozoário de hidantoínas sintéticas em formas epimastigotas de *Trypanosoma cruzi*

Leonardo Haas dos Santos¹; Daniel Gaiotto de Lima¹; Gustavo Eidy Sasaki¹; Helena Tiemi Suzukawa¹; Elen Cristina Pires de Lima²; Murilo da Silva Lopes Rodrigues²; Marcelle de Lima Ferreira Bispo²; Eliandro Reis Tavares¹; Lucy Megumi Yamauchi¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Química, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: leonardo.haas.santos@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Trypanosoma cruzi é o agente etiológico da Doença de Chagas (DC). Atualmente, mais de 7 milhões de pessoas no mundo são acometidas pela DC, que conta com apenas dois medicamentos para seu tratamento: nifurtimox e benzonidazol. Apesar de eficientes quando administrados na fase aguda da doença, o tratamento é prolongado e acompanhado de muitos efeitos adversos, os quais interferem na adesão dos pacientes. Desta forma, a busca por novas substâncias que tenham atividade tripanocida, poucos efeitos adversos e que sejam seguros, é uma necessidade urgente para a saúde pública. Neste estudo, dois derivados de hidantoínas foram previamente selecionados a partir de *docking* molecular utilizando a enzima diidroorotato desidrogenase de *T. cruzi* como alvo. A citotoxicidade destas substâncias foi avaliada em células de linhagem LLC-MK2 utilizando o ensaio de redução do brometo de 3-(4,5-dimetil-tiazol-2-il)-2,5-difeniltetrazólio (MTT). Assim, as células foram incubadas com diferentes concentrações das substâncias durante 72 h à 37 °C, 5% CO₂, para determinação da concentração citotóxica para 50% (CC₅₀) das células. Células LLC-MK2 sem tratamento foram utilizadas como controle. Para os testes de inibição de crescimento de *T. cruzi*, 10⁶ formas epimastigotas/mL foram tratadas com as substâncias a partir do valor de CC₅₀ e incubadas a 26 °C durante 72 h. Após o tempo de incubação, o número de epimastigotas foi determinado por contagem direta em câmara de Neubauer. A menor concentração capaz de reduzir em 50% o número de epimastigotas quando comparado ao controle sem tratamento foi considerada a concentração inibitória de 50% (IC₅₀). O índice de seletividade (IS) foi calculado pela razão entre CC₅₀/IC₅₀. As CC₅₀ das substâncias S171 e S175 foram iguais a 316,56 µg/mL e 345,63 µg/mL, com (IC₅₀) de 320 µg/mL e 350 µg/mL, respectivamente. Para ambas as substâncias o IS foi 0,99, indicando ser tóxico para as células de mamíferos. Os resultados mostram que as concentrações capazes de inibir a proliferação do protozoário são próximas das concentrações tóxicas para as células de mamíferos analisadas. Novos estudos envolvendo modificações na estrutura das moléculas visando potencializar o efeito antiprotozoário e reduzir a toxicidade para células de mamíferos são necessários para otimizar o efeito biológico desses derivados de hidantoínas.

Palavras-chave: doença de Chagas, diidroorotato desidrogenase, atividade tripanocida

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Finep

Atividade antiureolítica *in vitro* de uma tioidantoina sintética sobre a urease de *Cryptococcus neoformans*

João Henrique Mano de Oliveira¹; Paulo Henrique Guilherme Borges¹; Lucas Calado Mota¹; Davi Tavares Noda¹; Fernando Macedo Junior²; Priscila Goes Camargo de Carvalho²; Eliandro Reis Tavares¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹; Lucy Megumi Yamauchi¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Química, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: joao.henrique.mano@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A urease é uma metaloenzima responsável por catalisar a hidrólise da ureia em amônia e dióxido de carbono, desempenhando um papel essencial em diversos processos biológicos de diferentes organismos. Para *Cryptococcus neoformans*, a urease possui um papel crucial no processo infeccioso, principalmente para que o fungo atravesse a barreira hematoencefálica, causando a meningite fúngica (MF). Neste contexto, utilizar substâncias capazes de inibir a atividade da enzima pode ser essencial para a redução da virulência do fungo e controle da infecção. Entre os compostos atualmente estudados, estão os derivados de tioidantoinas, que vêm se destacando como potenciais inibidores da urease de plantas. Estes compostos apresentam estruturas semelhantes ao substrato natural da enzima, a ureia; e ao seu inibidor, a tioureia. Este trabalho teve como objetivo avaliar a atividade antiureolítica *in vitro* de uma tioidantoina em *C. neoformans*. Para isso, foi utilizada a tioidantoina PGC 11, sintetizada inicialmente com o objetivo de inibir a urease de *Canavalia ensiformis*. O composto foi avaliado nas concentrações de 256, 128, 64 e 32 µg/mL. *C. neoformans* ATCC 34872 e ATCC 66031 foram cultivados em meio Sabouraud Dextrose suplementado com 2% de ureia, por 48 horas, a 37 °C. As células foram lavadas com água destilada e ressuspendidas em tampão de lise, contendo 1 mM EDTA, 100 µM TLCK, 10% glicerol e 8% PBS. A lise celular foi realizada utilizando pérolas de vidro e sete ciclos de agitação vigorosa por 1 minuto, com intervalos de 30 segundos no gelo. As células foram centrifugadas e o sobrenadante foi utilizado para os ensaios de quantificação da atividade da urease (extrato bruto). A quantificação da atividade enzimática foi realizada pela reação de Berthelot, que envolve o monitoramento da formação de azul de indofenol produzido por meio da conversão de ureia em amônia e aumento do pH, por espectrofotometria em 630 nm. Reações sem a presença do inibidor e sem o extrato bruto foram utilizadas como controle positivo e negativo, respectivamente. A porcentagem de inibição da atividade de urease pela tioidantoina PGC 11 foi superior a 97% nas concentrações de 64 – 256 µg/mL, em ambas as cepas testadas. Para a concentração de 32 µg/mL, a inibição foi inferior a 60%. Estes dados demonstram que tioidantoinas são inibidores promissores da atividade enzimática de urease de *C. neoformans*. Estudos de toxicidade e atividade antifúngica são necessários para avaliar seu potencial no tratamento das infecções por *C. neoformans*.

Palavras-chave: *Cryptococcus neoformans*, meningite fúngica, tioidantoina, urease

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Aumento da resistência antimicrobiana em *Proteus mirabilis* durante a pandemia de COVID-19 em pacientes hospitalizados

Luana Karolyne Salomão de Almeida¹; Luana Carvalho Silva¹; Arthur Bossi do Nascimento¹; Eliana Carolina Vespero; Sérgio Paulo Dejato da Rocha¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: luana.karolyne@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A resistência antimicrobiana tem se consolidado como um grande problema de saúde pública e acredita-se que a pandemia por Sars-Cov-2, causador da doença conhecida como COVID-19, tenha agravado a situação. Há uma grande preocupação com os patógenos que apresentam fenótipo resistente à múltiplas drogas (MDR) e produtores de ESBLs, principalmente em enterobactérias intrinsecamente resistentes a polimixinas, tetraciclina e tigeciclina, como *Proteus mirabilis*, e que normalmente estão associadas a Infecções Relacionadas à Assistência à Saúde (IRAS). *P. mirabilis* é uma bactéria Gram-negativa, da ordem Enterobacterales, Família Morganellaceae que está entre os patógenos mais comuns causadores de Infecções do Trato Urinário (ITU), podendo causar também bacteriúria, bacteremia, urosepse e urolitíase. Considerando esses fatores, nosso objetivo foi comparar a ocorrência de isolados de *P. mirabilis* com fenótipos de resistência MDR e ESBL em pacientes hospitalizados em dois períodos: antes e durante a pandemia por COVID-19. A sensibilidade antimicrobiana foi determinada por meio do sistema automatizado VITEK 2 e pela técnica de disco difusão, seguindo as diretrizes do BrCAST. Para a detecção de ESBL foi empregado o teste de disco aproximação. A classificação de isolados MDR foi estabelecida considerando a resistência a três ou mais classes distintas de antimicrobianos. A análise estatística empregou o Teste Exato de Fischer para avaliar a associação entre o período da pandemia e a resistência, além da Regressão Logística para calcular o Odds Ratio (OR), quantificando o risco de resistência durante a pandemia em comparação com o período pré-pandemia. Ao todo, foram analisados 44 isolados antes da pandemia (12 MDR, 32 não-MDR; 3 ESBL, 41 não-ESBL) e 62 isolados durante a pandemia (43 MDR, 19 não-MDR; 32 ESBL, 30 não-ESBL). Os resultados demonstram um aumento estatisticamente significativo na prevalência de *P. mirabilis* MDR durante o período da pandemia. (OR = 5.92; IC95% = 2.38-15.62; p = 2.742×10⁻⁵), indicando que as chances de um isolado ser MDR foram quase seis vezes maiores durante a pandemia. Da mesma forma, observamos um aumento ainda mais acentuado na prevalência de *P. mirabilis* ESBL. O OR para ESBL foi de 14.22 (IC95% = 3.90-79.32; p = 6.835×10⁻⁷), o que significa que as chances de um isolado ser ESBL foram mais de quatorze vezes maiores durante a pandemia. Nossos resultados sugerem que a recente pandemia por COVID-19 teve impacto sobre a resistência antimicrobiana de *P. mirabilis*, uma bactéria de interesse clínico e importância em ITUs e IRAS.

Palavras-chave: resistência a múltiplas drogas (MDR), beta-lactamases de espectro estendido (ESBL), infecções relacionadas a assistência à saúde (IRAS)

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Avaliação da atividade antiviral de derivados sulfatados da β -D-glucana (Lasiodiplodana) contra o vírus sincicial respiratório (RSV)

Alaor Martins da Silva¹; André Luiz Dyna¹; Tamires Pereira Rosa²; Lígia Carla Faccin Galhardi¹; Mário Antônio Alves da Cunha²

¹Laboratório de Virologia Básica e Aplicada, Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório de Biotecnologia e Bioprocessos, Departamento de Química, Universidade Tecnológica Federal do Paraná

E-mail: alaor.martins.silva@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

O vírus sincicial respiratório (RSV) é um agente infeccioso de alta prevalência que acomete o trato respiratório inferior, especialmente em crianças, idosos e pacientes imunocomprometidos, sendo responsável por significativa morbidade e mortalidade. A ausência de antivirais específicos eficazes e seguros para o RSV destaca a necessidade urgente de novas estratégias terapêuticas. Neste estudo, avaliamos *in vitro* a citotoxicidade e a atividade antiviral de dois derivados sulfatados da β -D-glucana (Lasiodiplodana) (LAS-S1 e LAS-S2), obtidos a partir do composto nativo (LAS-N). Os testes foram conduzidos em células HEp-2 (CCL-23) utilizando o ensaio de viabilidade celular MTT, com concentrações variando de 1000 a 62,5 μ g/mL. Ambos os compostos apresentaram baixa citotoxicidade, com concentrações citotóxicas 50% (CC50) superiores a 1000 μ g/mL, indicando perfil de segurança adequado para aplicações terapêuticas. O LAS-S2 destacou-se pela potente atividade antiviral, com concentração inibitória 50% (IC50) de 1,38 μ g/mL e índice de seletividade (IS = CC50/IC50) superior a 724, evidenciando alta eficácia seletiva contra o RSV. As concentrações de 200 a 25 μ g/mL, utilizadas para avaliação do mecanismo de ação, demonstraram potencial elevado, a atividade virucida das concentrações, apresentaram uma inativação direta das partículas virais, com taxas de inibição variando entre 83% e 62%. Nos protocolos de tratamento, com diferenças estatisticamente significativas nas mesmas concentrações, o pré-tratamento realizado 3 horas antes da infecção foi o mais eficaz, reduzindo a infecção viral em até 93%, seguido por inibições decrescentes de 89%, 79% e 48%, indicando um forte potencial profilático. O pré-tratamento 1 hora antes e os pós-tratamentos 1 e 3 horas após a infecção também apresentaram inibições relevantes, variando de 77% a 52% e de 90% a 54%, e de 66% a 57%, respectivamente, indicando possível ação terapêutica. Além disso, LAS-S2 inibiu as fases iniciais do ciclo viral, com redução da adsorção entre 90% e 81% e da penetração entre 69% e 58%. Esses achados indicam múltiplos mecanismos de ação antiviral, reforçando o potencial do LAS-S2 como intervenção inovadora. Essas evidências experimentais reforçam que o LAS-S2 demonstrou atividade antiviral em várias etapas do ciclo replicativo do RSV, aliada a baixa citotoxicidade. Essas características tornam o LAS-S2 um candidato promissor para o desenvolvimento de terapias profiláticas, ampliando as opções de tratamento e contribuindo para a redução do impacto clínico do RSV, especialmente em populações vulneráveis.

Palavras-chave: β -D-glucana, derivados sulfatados, RSV, antiviral

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Avaliação do efeito antifúngico de fluopsina C produzida por *Pseudomonas aeruginosa* LV SOBRE *Cryptococcus gattii*

Lucas Men Greco^{1*}; Laís Fernanda de Almeida Spoladori¹; Kymberlli Angel Oliveira Costa¹; Leonardo Niro dos Santos¹; Galdino Andrade Filho¹; Eliandro Reis Tavares¹; Lucy Megumi Yamauchi¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: lucas.greco100@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Cryptococcus gattii é um fungo patogênico associado a diferentes formas de infecção, especialmente nos pulmões e no sistema nervoso central, podendo acometer tanto indivíduos imunossuprimidos quanto imunocompetentes. A infecção ocorre, principalmente, por meio da inalação de esporos presentes no ambiente. Em alguns casos, a infecção pode se disseminar para o sistema nervoso central, resultando em quadros mais graves, como a meningoencefalite. Este comportamento está associado a diversos fatores de virulência, que dificultam o controle da infecção e contribuem para a resistência do fungo aos antifúngicos atualmente disponíveis. Diante disso, torna-se urgente o desenvolvimento de novas opções terapêuticas que sejam mais eficazes e seguras. Entre as alternativas mais estudadas, destaca-se o uso de compostos naturais com potencial antimicrobiano. Estudos demonstraram que os metabólitos secundários obtidos da cultura da cepa *Pseudomonas aeruginosa* LV apresentam potente atividade antimicrobiana contra patógenos humanos multirresistentes. Nesse contexto, o objetivo do trabalho visa em avaliar a atividade antifúngica da fluopsina C, um metabólito secundário produzido por essa cepa, que tem se mostrado uma alternativa promissora no combate de microrganismos resistentes. Nos experimentos, foram utilizadas duas cepas de referência de *C. gattii* (ATCC 24065 e 24066) e dois isolados clínicos. A atividade da fluopsina C contra células planctônicas foi avaliada por meio do ensaio de microdiluição em caldo, conforme as diretrizes do CLSI (M60, 2017). O inóculo fúngico foi ajustado na escala McFarland e diluído para obtenção da concentração final de 10³ células/mL. A fluopsina C diluída em RPMI-MOPS foi adicionada em placas de 96 poços, junto ao inóculo, e incubadas à 37°C por 48h. A concentração inibitória mínima (CIM) foi definida como a menor concentração sem crescimento visível, e a concentração fungicida mínima (CFM) como aquela que resultou na ausência total de unidades formadoras de colônias. Em seguida, a cepa ATCC 24066 foi tratada com CIM e CFM de fluopsina C por 4 horas e, posteriormente, processada em resina Epon para análise em microscopia eletrônica de transmissão. Para todas as cepas testadas, a CIM foi de 0,78 µg/mL e a CFM de 1,56 µg/mL. As imagens obtidas revelaram desorganização do citoplasma, comprometimento de organelas e descolamento da membrana celular, indicando que a fluopsina C exerce ação antifúngica direta e significativa sobre *C. gattii*. Esses achados reforçam o potencial terapêutico da fluopsina C frente à crescente resistência de *C. gattii* aos antifúngicos disponíveis.

Palavras-chave: atividade antifúngica, criptococose, metabólito secundário

***Bolsista de Iniciação Científica CNPq**

Caracterização epidemiológica de infecções da corrente sanguínea causadas por *Acinetobacter baumannii* em um hospital terciário no sul do Brasil

Pedro Olimpio Siqueira Castilho¹; Fernanda Martelli Takahashi¹; Maria Julia Onça Moreira¹; Alanis Cassamassimo Cardoso¹; Larissa Sugiura¹; Evelyn Poliana Candido¹; Floristher Elaine Carrara¹; Marcia Eches Prugini¹; Marsileni Pelisson¹; Eliana Carolina Vespero¹

¹Departamento de Patologia, Análises Clínicas e Toxicológicas, Centro de Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: pedro.olimpio.siqueira@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Acinetobacter baumannii é um cocobacilo não fermentador da glicose conhecido por sua elevada resistência aos antimicrobianos e com capacidade de adquirir novos mecanismos, tornando-se uma grave ameaça em ambiente hospitalar, como uma bactéria de difícil de tratar. As infecções da corrente sanguínea por *A. baumannii* representam um desafio crítico em ambientes hospitalares devido à sua alta mortalidade. Este estudo teve como objetivo descrever as características epidemiológicas e clínicas das ICS, por *A. baumannii* em no Hospital Universitário de Londrina e identificar os fatores associados à mortalidade. Foi realizado um estudo retrospectivo com pacientes com ICS por *A. baumannii* internados entre março de 2020 e maio de 2023. Os dados clínicos foram extraídos dos prontuários médicos Medview, as amostras positivas, detectadas pelo sistema BD BACTEC FX40, foram identificadas e seu perfil de sensibilidade realizado pelo sistema automatizado VITEK 2 ® Os resultados dos testes de sensibilidades aos antimicrobianos foram interpretados de acordo com os critérios do *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI). As análises estatísticas foram conduzidas para identificar associações entre variáveis clínicas e mortalidade. Houve um aumento na incidência de ICS por *A. baumannii* a partir de 2020, especialmente durante a pandemia de COVID-19. Durante o período, 261 isolados de *A. baumannii* foram obtidos de hemoculturas, sendo 94,2% resistentes ao meropenem. A taxa de mortalidade hospitalar foi de 70,5%, com maior risco associado à presença de diabetes ($p=0,006$; OR=2,71), hipertensão arterial sistêmica ($p=0,025$; OR=1,88), e uso de dispositivos invasivos como cateteres urinários ($p<0,001$; OR=4,70) e tubos de nutrição enteral ($p<0,001$; OR=4,70). Choque séptico foi observada em 67,4% dos casos, com mortalidade de 83,7% ($p<0,001$; OR=12,8). O uso prévio de antimicrobianos, especialmente cefalosporinas de terceira geração ($p=0,002$; OR=2,66), também foi significativamente associado ao óbito. Coinfecção por COVID-19 foi relatada em 43,3% dos casos. Pacientes com COVID-19 apresentaram maior risco de morte ($p=0,022$; OR=1,91) e menor tempo médio de internação. Comparações com dados históricos da instituição revelaram aumento nas taxas de resistência a aminoglicosídeos, embora a resistência à polimixina B tenha diminuído ligeiramente. A alta mortalidade associada às ICS por *A. baumannii*, agravada pela disseminação de cepas multirresistentes e pela pandemia de COVID-19, reforça a importância de abordagens integradas para reduzir o impacto dessas infecções nos serviços de saúde.

Palavras-chave: infecção relacionada à assistência à saúde, resistência antimicrobiana, carbapenêmicos, polimixina B, COVID-19

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Caracterização fenotípica e epidemiológico de isolados de *Providencia* spp., de culturas de sangue, de pacientes do Hospital Universitário de Londrina, na pandemia de COVID19

Gabriela de Souza Barbosa¹; Larissa Sugiura¹, Tatiana de Carvalho Caldas¹; Alanis Cassamassimo Cardoso¹; Maria Julia Onça Moreira¹; Pedro Olimpio Siqueira Castilho¹; Gerusa Luciana Gomes Magalhaes¹; Julia da Silva Pimenta¹; Marsileni Pelisson¹; Eliana Carolina Vespero¹

¹Departamento de patologia, Análises Clínicas e Toxicológicas (PAC), Centro de Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: gabriela.souzab@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Providencia spp. apresenta resistência cromossomal e produção de AmpC induzível que dificulta o tratamento das infecções por esse microrganismo. A utilização de antimicrobianos de última geração, como polimixinas e carbapenêmicos, selecionam os isolados clínicos que apresentam resistência intrínseca e/ou adquirida a esses antibióticos. Diante do exposto, este estudo teve como objetivo caracterizar o perfil fenotípico e epidemiológico de isolados clínicos de *Providencia* spp, de culturas de sangue, de pacientes do Hospital Universitário de Londrina, no período de 2020 a 2024. A identificação foi realizada pelo sistema automatizado Vitek2® (BioMérieux – Brasil) e o teste de sensibilidade aos antimicrobianos foi interpretado de acordo com os critérios do BrCAST. Os dados clínicos foram coletados através do sistema MedView. No período estudado, 40 pacientes tiveram culturas de sangue positivas por *Providencia* spp., sendo que 33 (82,5%) por *Providencia stuartii* e 7 (17,5%) *Providencia rettgeri*. Foi realizado um estudo epidemiológico comparando pacientes que evoluíram a óbito 21 (52,5 %) com aqueles que receberam alta 19 (47,5%). Para a análise estatística utilizou o software SPSS VERSÃO 25.0 e p teste do Qui-Quadrado foi realizado para medir o grau de associação entre as variáveis e a diferença entre os grupos foi considerada significativa quando $p < 0,05$. Para avaliar a intensidade da associação entre as variáveis, foi utilizado o Odds Ratio (OR) com intervalo de confiança de 95% (IC 95%). Apresentaram resultados significativos: para as comorbidades, DPOC (p valor 0,026; OR 9,23 (1,29-15-77)); pacientes com internação em UTI (p valor 0,002; OR 3,14 (1,28- 7,65)); realização de procedimentos invasivos, como ventilação mecânica (p valor 0,001; OR; 2,90 (2,69- 3,80)). Também, o uso prévio de colistina mostrou associação significativa (p valor 0,024; OR 1,98 (1,06-3,70)). Quando foram avaliados os perfis de resistência as 6 (85,7%) amostras de *P. rettgeri* apresentaram resistência a carbapenêmicos (CR) e apenas 1 (14,3%) amostra foi sensível. Em *P. stuartii*, 29 (87,87%) amostras foram resistentes aos carbapenêmicos, enquanto 4 (12,1%) mostraram sensibilidade. Este trabalho realizou uma caracterização da epidemiológica clínica dos pacientes com culturas de sangue positivas para *Providencia* spp. e evidenciou alta resistência aos carbapenêmicos e fatores associados a mortalidade, reforçando o uso racional de antimicrobianos para redução dos isolados multirresistentes.

Palavras-chave: enterobactérias, antimicrobianos, *P. stuartii*, *P. rettgeri*

Apoio financeiro ou bolsa: PAB/UUEL

Caracterização fenotípica e molecular de *Staphylococcus epidermidis* isolados de pacientes do Hospital Universitário de Maringá

Júlia Carla Torrezan¹; Guilherme Gonçalves Bartolomeu¹; Helena Tiemi Suzukawa¹; Paulo Guilherme Henrique Borges¹; Gabrielle Modesto Maroni¹; Leonardo Dib¹; Maria Cristina Bronharo Tognim²; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹; Eliandro Reis Tavares¹; Lucy Megumi Yamauchi¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Estadual de Maringá

E-mail: julia.torrezan@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Staphylococcus epidermidis é uma bactéria comensal da microbiota humana, amplamente presente na pele e nas mucosas. Entretanto, este microrganismo pode atuar como patógeno oportunista, sendo uma das principais causas de infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS), especialmente em indivíduos imunossuprimidos como aqueles internados nas unidades de terapia intensiva (UTI) ou com dispositivos médicos implantáveis. A presença de genes que codificam resistência aos antimicrobianos e fatores de virulência, como a formação de biofilme, são características que contribuem para a patogênese das infecções por espécies de *Staphylococcus*. Neste trabalho, foi investigada a presença de genes envolvidos na resistência à meticilina e à formação de biofilme de *S. epidermidis* isolados de amostras biológicas de pacientes internados no Hospital Universitário de Maringá, no período de 2020 a 2024, e armazenados no banco de bactérias do Laboratório de Biologia Molecular da UEL. Foram analisados 105 isolados, previamente identificados como *S. epidermidis* e com perfis de sensibilidade aos antimicrobianos determinados pelo sistema automatizado BD Phoenix[®]. A cepa de referência *S. epidermidis* ATCC 35984 foi incluída como controle positivo nos testes. Estes isolados foram cultivados em ágar manitol salgado e os não-fermentadores de manitol foram submetidos ao ensaio molecular. A extração de DNA genômico dos isolados selecionados foi realizada pelo método fenol-clorofórmio, descrito em Sambrook et al. (1989), e 100 ng/reacção do DNA purificado foi utilizado. As reações de PCR foram realizadas para os genes que codificam para termonuclease (*nuc*), resistência à meticilina (*mecA*) e proteína de acumulação (*aap*) relacionada à formação de biofilme. Os amplicons foram visualizados em gel de agarose a 1% corado com 0,5 µg/mL de brometo de etídio. Dos 105 isolados clínicos, 74 (75,47%) foram confirmados como *Staphylococcus* spp. não fermentadores de manitol. Destes, 59 (79,73%) foram confirmados como *S. epidermidis* por meio da amplificação do gene *nuc*. Todos os isolados (n=59) apresentaram o gene de resistência *mecA* e o gene *aap* relacionado à formação de biofilme. Por fim, 58 isolados apresentaram resistência fenotípica à oxacilina e ampicilina. Um isolado foi resistente à ampicilina e sensível à oxacilina, assim foi considerado *S. epidermidis* oxacilina sensível *mecA* positivo (OS-MRSE, *oxacillin-susceptible, methicillin-resistant S. epidermidis*). Estes resultados evidenciam a ampla disseminação de *S. epidermidis* resistentes à meticilina, com potencial de formar biofilmes em ambiente hospitalar, destacando a necessidade de monitoramento contínuo e estratégias para controle das infecções associadas a esta bactéria.

Palavras-chave: infecções relacionadas à assistência à saúde, *oxacillin-susceptible, methicillin-resistant Staphylococcus epidermidis*, resistência antimicrobiana

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Combinação antifúngica de óleo essencial de orégano e nanopartículas de prata de origem biológica sobre *Cryptococcus gattii* e *Cryptococcus neoformans*

Leonardo Niro dos Santos¹; Lais Fernanda de Almeida Spoladori¹; Kymberlli Angel Oliveira Costa¹; Lucas Men Greco¹; Leonardo Dib de Souza Abussafi¹; Gerson Nakazato¹; Eliandro Reis Tavares¹; Lucy Megumi Yamauchi¹; Sueli Fumie YamadaOgatta¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: leonardo_niro@hotmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Cryptococcus gattii e *Cryptococcus neoformans* são os agentes causadores da criptococose, a infecção de maior incidência entre as micoses sistêmicas em indivíduos imunossuprimidos. Tem sido relatado mais de 1 milhão de casos por ano mundialmente com uma taxa de letalidade considerável. A criptococose trata-se de uma infecção fúngica oportunista, cujas opções terapêuticas são limitadas devido à toxicidade e ao aumento da seleção de resistência microbiana. Neste contexto, os óleos essenciais e as nanopartículas metálicas têm sido amplamente estudados como fontes promissoras de ativos antimicrobianos, e a estratégia de combinação de substâncias é uma das formas mais empregadas para contornar o aumento da seleção de cepas resistentes. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito isolado e combinado do óleo essencial de *Origanum vulgare* (orégano) e de nanopartículas de prata biogênicas (bioAgNPs), obtidas pela redução de AgNO₃ a partir do extrato aquoso da casca de *Trichilia catigua* ADR. Juss, sobre cepas de *C. neoformans* e *C. gattii*. A Concentração Inibitória Mínima (CIM) e a Concentração Fungicida Mínima (CFM) foram determinadas pela técnica de microdiluição em caldo, conforme o CLSI M60 (2017). A combinação dos compostos foi analisada pela técnica de *checkerboard*, incubando-se o inóculo com as concentrações seriadas do óleo de orégano (500 – 3,19 µg/mL) e das bioAgNPs (1,67 – 0,013 µg/mL) por 48 h à 37°C. O efeito combinado dos compostos foi interpretado através do cálculo do índice de concentração inibitória fracionada (FICI), sendo considerado efeito sinérgico (FICI ≤ 0,5), indiferente (FICI > 0,5 a 4) e antagônico (FICI > 4). Para as cepas de *C. gattii* ATCC 24065 e *C. gattii* ATCC 56690, o óleo de orégano apresentou efeito fungicida com CFM de 62,5 µg/mL. Para *C. neoformans* ATCC 34872 e *C. neoformans* ATCC 66031, a CIM foi de 125 µg/mL e a CFM de 500 µg/mL. As bioAgNPs apresentaram efeito fungicida para ambas as espécies, com valores de CFM variando entre 0,83 e 1,67 µg/mL. Além disso, foi observado sinergismo entre as substâncias para ambas as cepas de *C. neoformans* (FICI = 0,27), e efeito indiferente para as cepas *C. gattii* (FICI = 0,52). Os resultados indicam que a combinação entre o óleo essencial de orégano e bioAgNPs sugerem uma abordagem terapêutica promissora para o desenvolvimento de estratégias antifúngicas, especialmente no enfrentamento de cepas resistentes aos tratamentos convencionais.

Palavras-chave: efeito antifúngico combinado, nanopartículas de prata biogênicas, sinergismo

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Desenvolvimento e avaliação de formulação antiviral tópica com biossurfactante Rhamnolipídico de andiroba

Giovanna Azevedo Manoel¹; Lígia Silva Martins¹; André Luiz Dyna¹; Briani Gisele Bigotto¹; Isabella Maria Tomaz Bissochi¹; Mariana Rosada Gonçalves¹; Gabriel Norato da Silva¹; Matheus Hideki Arakawa¹; Sidnei Cerqueira dos Santos²; Lígia Carla Faccin Galhardi¹

¹Laboratório de Virologia Básica e Aplicada, Universidade Estadual de Londrina, Londrina – PR

²Instituto de estudos em saúde e biológicas, Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará, Marabá - Pará

E-mail: giovanna.azevedo05@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A crescente busca por alternativas terapêuticas seguras e eficazes frente a infecções virais cutâneas tem impulsionado o desenvolvimento de formulações contendo ativos de origem natural. Neste contexto, este estudo teve como objetivo desenvolver uma formulação tópica incorporando um biossurfactante ramnolipídico obtido a partir da biomassa residual de andiroba (BS-Andiroba), avaliando sua estabilidade farmacotécnica e sua eficácia antiviral in vitro contra o Herpesvírus Simples tipo 1 (HSV-1). A formulação foi preparada em cinco fases sequenciais, utilizando excipientes dermatologicamente compatíveis, incluindo alantoína, EDTA dissódico, extrato glicólico de camomila, propilenoglicol, essência e fenoxietanol, sendo o ativo BS-Andiroba adicionado na terceira fase. As formulações, com e sem o ativo, foram submetidas a testes farmacotécnicos após 24 horas da produção e após 15 dias de estocagem em condições alternadas de temperatura (4 °C e 40 °C). Foram avaliados os parâmetros de aparência, cor, odor, pH e densidade. A formulação com BS-Andiroba apresentou leve turbidez e coloração ocre clara, sem separação de fases, mantendo o pH estável entre 4,5 e 5,0. A citotoxicidade foi analisada por ensaio de MTT em células VERO (CCL-81), incubadas por 72 horas com cinco diluições das formulações (50%, 25%, 12,5%, 6,25% e 3,12%). A formulação BS-Andiroba apresentou viabilidade celular de 67% na diluição de 6,25% e de 83% em 3,12%, indicando um perfil seguro para uso tópico. A formulação base demonstrou viabilidade superior a 50% a partir da diluição de 25%. A atividade antiviral foi avaliada por ensaio virucida baseado na metodologia ISO, com quantificação viral por TCID₅₀ e confirmação por PCR em tempo real (qPCR), utilizando primers direcionados ao gene ICP4 do HSV-1. A formulação base apresentou redução da carga viral em aproximadamente 1 log, com inibição média de 91% ($p < 0,05$) conforme cálculo da ISO 21702:2019. Já a formulação contendo BS-Andiroba demonstrou inibição total da replicação viral (100%), com significância estatística elevada ($p < 0,01$). Os dados obtidos por qPCR corroboraram esses achados, evidenciando ausência de replicação viral nas amostras tratadas com o ativo, enquanto a formulação base apresentou resultados semelhantes ao controle viral. Conclui-se que a formulação com BS-Andiroba apresenta estabilidade, perfil de segurança e elevada eficácia antiviral, destacando-se como promissora candidata para formulações antivirais tópicas.

Palavras-chave: HSV-1, formulação tópica, atividade antiviral

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Detecção do vírus Epstein-barr em pacientes diagnosticados com linfomas de Hodgkin e não-Hodgkin

Luanna Pico Agostinho¹; André Luiz Dyna¹; Ana Carolina Silva-Guimarães²; Vanessa Salete de Paula²; Laura Cinquini Franco³; Marla Karine Amarante³; Fausto Celso Trigo⁴; Ligia Carla Faccin-Galhardi¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹; Nathália de Sousa Pereira¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro

³Departamento de Patologia, Análises Clínicas e Toxicológicas, Universidade Estadual de Londrina

⁴Hospital do Câncer de Londrina

E-mail: luanna.agostinho@uel.br

Área de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

O vírus Epstein-barr (EBV), pertencente à família *Herpesviridae*, foi o primeiro vírus reconhecido como indutor de neoplasias. Sabe-se que o EBV realiza infecção latente em linfócitos B, podendo influenciar na patogênese de neoplasias hematológicas como linfomas de Hodgkin (LH) e não-Hodgkin (LNH). O estabelecimento dessa infecção por meio desse vírus pode influenciar no prognóstico e resposta terapêutica dos pacientes oncológicos. Portanto, o objetivo do presente estudo foi detectar a presença de EBV em pacientes diagnosticados com LH e LNH do Hospital do Câncer de Londrina (HCL) e correlacionar com seus parâmetros clínico-patológicos. O presente projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa Envolvendo Seres Humanos da UEL (CAAE: 32492720.9.0000.5231). O DNA genômico dos pacientes foi extraído a partir de amostras coletadas com *swab* da cavidade oral. A detecção e quantificação viral foi realizada por qPCR. As reações foram realizadas com 0,3 µM de cada iniciador, 0,1 µM de cada sonda, 1X de *TaqMan Universal Master Mix* e 32 ng de DNA e amplificadas em termociclador *LightCycler Nano* com o seguinte protocolo: 95°C por 10 minutos, seguido de 45 ciclos de 95°C por 15 segundos e 60°C por 1 minuto. No total, foram obtidas amostras de 108 pacientes, sendo 82 (75,9%) diagnosticados com LNH e 26 pacientes (24,1%) com LH. O grupo de pacientes com LNH apresentou 39,0% (n= 32) de casos positivos, com carga viral média de $6,96 \times 10^7$ CV/uL. A frequência de positividade registrada no grupo de pacientes com LH foi menor, correspondendo a 34,6% (n= 9), com carga viral média de $6,57 \times 10^5$ CV/uL. Variáveis clínico-patológicas como idade, tratamento, uso de antivirais, recidiva e óbito foram analisadas, não apresentando correlação significativa. Entretanto, os pacientes diagnosticados com LNH e positivos para EBV apresentaram menor taxa de remissão em comparação aos demais (Tau-b = -0,266; p = 0,013). Essa associação sugere um caminho promissor para a investigação do papel desse vírus na patogênese das neoplasias hematológicas. Este estudo forneceu dados iniciais valiosos sobre a prevalência do EBV em pacientes diagnosticados com linfomas atendidos no HCL, ressaltando a importância da investigação do papel do EBV e de outros vírus na patogênese e evolução clínica dessas doenças, correlacionando essas interações com fatores moleculares e imunológicos, para aprimorar a personalização do manejo clínico desses pacientes e auxiliar em avanços para o desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas.

Palavras-chave: neoplasias hematológicas, oncovirus, qPCR

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Ditelureto LQ64 influencia a sobrevivência e metabolismo redox de *Leishmania donovani* induzindo morte celular por necrose

Rian Richard Santos de Farias¹; Celso Vataru Nakamura¹; Tay Takeshita B. Zugman², Leandro Piovan²; Francielle Pelegrin Garcia¹

¹Laboratório de Inovação Tecnológica no Desenvolvimento de Fármacos e Cosméticos (LITFaC), Universidade Estadual de Maringá (UEM)

²Programa de Pós-Graduação em Química, Centro Politécnico, Departamento de Química, Universidade Federal do Paraná (UFPR)

E-mail: pg55687@uem.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

As leishmanioses são um conjunto de doenças complexas e negligenciadas, causadas por protozoários flagelados do gênero *Leishmania* spp. As formulações disponíveis atualmente apresentam diversos problemas que dificultam a adesão dos pacientes ao tratamento, o que justifica a busca por novos fármacos. Compostos calcogênicos, em especial os teluretos, ganharam notoriedade por apresentarem boa atividade em modelos *in vitro* contra tripanossomatídeos. O objetivo deste trabalho foi determinar a seletividade da substância **LQ64** e investigar seu mecanismo de ação em *Leishmania donovani*. Formas promastigotas do parasito e macrófagos foram tratados com concentrações crescentes da substância e a viabilidade determinada por espectrofotometria. A análise do estresse oxidativo foi realizada através da dosagem de espécies reativas de oxigênio (EROs), lipoperoxidação e níveis de corpos lipídicos, enquanto o mecanismo de morte celular foi avaliado por meio da permeabilidade de membrana celular. O ditelureto **LQ64** eliminou 50% (CI₅₀) dos parasitos na concentração de $0,6 \pm 0 \mu\text{M}$ e reduziu a população de macrófagos na mesma porcentagem apenas em $47,6 \pm 10 \mu\text{M}$, garantindo seletividade de 79 vezes. As análises demonstraram que o balanço redox das formas promastigotas foi alterada: (i) houve aumento significativo de ERO; (ii) peroxidação lipídica e (iii) corpos lipídicos de forma dependente da concentração após 72 h de tratamento. A permeabilidade de membrana plasmática foi acentuadamente elevada, sugerindo necrose como possível via de morte celular em promastigotas de *L. donovani*. O campo de desenvolvimento de novos fármacos é uma área muito importante para a saúde e necessita de mais estudos a fim de ampliar as possibilidades de tratamentos. A substância calcogênica estudada demonstrou boa atividade e seletividade ao parasito causador da leishmaniose visceral, configurando uma possível alternativa às terapias hoje disponíveis.

Palavras-chave: leishmaniose, dicalcogênios, mecanismo de ação, morte celular

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Estudo epidemiológico de *Escherichia coli* isoladas de culturas de sangue de pacientes do Hospital Universitário

Tatiana de Carvalho Caldas¹; Alanis Cassamassimo Cardoso¹; Gabriela de Souza Barbosa¹; Larissa Sugiura¹; Maria Julia Onça Moreira¹; Pedro Olimpio Siqueira Castilho¹; Julia da Silva Pimenta¹; Marsileni Pelisson¹; Marcia Regina Echtes Perugini¹; Eliana Carolina Vespero¹

¹Departamento de Patologia, Análises Clínicas e Toxicológicas (PAC), Centro de Ciências da Saúde

E-mail: tatiana.carvalho@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Escherichia coli é um Bacilo Gram-Negativo (BGN) que pertence a família *Enterobacteriaceae*, anaeróbio facultativo e predominante na microbiota intestinal de indivíduos saudáveis. Entretanto, alguns isolados podem causar infecções extra intestinal (EXPEC), como no trato urinário e corrente sanguínea. Dessa forma, o estudo teve como objetivo caracterizar epidemiologicamente isolados clínicos de *E.coli*, de culturas de sangue, de pacientes do Hospital Universitário de Londrina no período de 2020 à 2024. As hemoculturas positivas foram detectadas pelo sistema automatizado BACTEC™ FX (Becton Dickinson) e posteriormente identificadas pelo sistema automatizado Vitek2® (BioMérieux – Brasil); e o teste de sensibilidade aos antimicrobianos foi interpretado de acordo com os critérios do BrCAST. Os dados clínicos foram coletados através do Sistema informatizado MedView. No período estudado, 196 pacientes apresentaram *E. coli* na corrente sanguínea, dos quais 146 (73%) tiveram alta e 53(27%) pacientes foram a óbito. Para realizar a comparação dos dados clínicos dos dois grupos, utilizou-se o software SPSS VERSÃO 25.0, p teste Qui-Quadrado foi realizado para medir o grau de associação entre as variáveis e a diferença entre os grupos $p < 0,05$. A intensidade da associação entre as variáveis, foi realizado utilizando o Odds Ratio (OR) com intervalo de confiança de 95%. Foi detectado a presença de *E.coli* também no trato urinário, em 51 (35,9%) apresentando diferença estatística ($p < 0,001$; OD 4,39 (1,75 - 10,97)). A utilização de dispositivos invasivos, como cateter venoso central ($p < 0,001$; OD 2,92 (1,51 - 5,63)), uso de sonda vesical de demora ($< 0,001$; OD 3,31 (2,01 - 5,46)) e a realização de hemodiálise (0,002; OD 2,06 (1,32 - 3,21)) e transfusão sanguínea (0,029; OD 1,82 (1,10 - 2,99)) foram estatisticamente significativos. Também teve diferença estatística, a utilização prévia de tratamento com cefalosporinas de 3° e 4° geração ($p < 0,005$; OD 2,17 (1,35 - 3,39)) e nos pacientes que realizaram o tratamento com polimixina ($p < 0,034$; OD 2,02 (1,16 - 3,51)). Quanto a sensibilidade aos β -lactâmicos, foi detectado dois isolados que apresentaram resistência aos carbapenêmicos, 50 eram produtores de β -lactamases de espectro estendido e 144 sensíveis aos β -lactâmicos de amplo espectro. O conhecimento dos dados epidemiológicos do processo infeccioso, são informações importantes para o desenvolvimento de estratégias de prevenção e no manejo e tratamento de pacientes com infecção na corrente sanguínea por *E. coli*.

Palavras-chave: infecção da corrente sanguínea, infecção do trato urinário, β -lactâmicos
Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Estudo *in vitro* da influência do pH na eficácia de antifúngicos e na formação de biofilmes de *Paracoccidioides brasiliensis*

Eiko Nakagawa Itano^{1,2}; Bianca Dorana de Oliveira Souza¹; Flávio Hiroshi Itano², Natália Harumi Shoji¹; Rodolfo Bento Balbinot³; Danielle Lazarin Bidóia³; Jun Uno⁴; Celso Vataru Nakamura³; Mario Augusto Ono¹

¹Departamento de Imunologia, Parasitologia e Patologia Geral, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

³Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Maringá

⁴Centro de Pesquisa em Micologia Médica, Universidade de Chiba, Chiba, Japão

E-mail: itano@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A paracoccidioidomicose (PCM) é uma micose sistêmica causada pelos fungos *Paracoccidioides brasiliensis* e *P. lutzii*, responsáveis por infecções crônicas e debilitantes. O tratamento é prolongado e geralmente envolve o uso de antifúngicos com potenciais efeitos tóxicos, como nefrotoxicidade e hepatotoxicidade. Neste estudo, investigou-se o efeito do pH na eficácia de antifúngicos e na formação de biofilmes por *P. brasiliensis* (Pb18) em cultura *in vitro*. A atividade antifúngica foi avaliada por microdiluição em caldo, utilizando placas de 96 poços contendo suspensão de 1×10^6 células de leveduras em meio RPMI (pH 6,0, 7,0 ou 8,0) e respectiva diluição da droga (anfotericina B (AMPH), itraconazol (ICZ), fluconazol (FCZ) e cetoconazol (KCZ)). As placas foram incubadas a 36 ± 1 °C por 7 dias. A leitura foi realizada por inspeção visual com lupa de mesa (10x), e a concentração inibitória mínima (CIM) foi definida como a menor concentração sem crescimento visível. Amostras de biofilme formadas em pH 6,0, 7,0 e 8,0 por 144 h (na superfície de lamínulas de vidro) foram fixadas com glutaraldeído 2,5% em tampão cacodilato de sódio, submetidas à secagem em ponto crítico, revestidas com ouro e analisadas em microscópio eletrônico de varredura. Os resultados preliminares de ensaios de susceptibilidade antifúngica demonstraram que a atividade dos fármacos varia significativamente com o pH do meio. A anfotericina B (AMPH) apresentou maior eficácia em pH 8,0 (0,25 µg/mL), enquanto mostrou menor atividade em pH 7,0 (2,0 µg/mL). O itraconazol (ICZ) foi altamente eficaz em pH 7,0 e 8,0 (<0,008 µg/mL), com eficácia reduzida em pH 6,0 (0,0312 µg/mL). O fluconazol (FCZ) também demonstrou maior eficácia em pH 8,0 (0,125 µg/mL) em comparação com pH 6,0 e 7,0 (1,0 µg/mL). Já o cetoconazol (KCZ) apresentou leve aumento de eficácia em pH 8,0 (0,008 µg/mL), frente aos valores observados em pH 6,0 e 7,0 (0,0156 µg/mL). A formação de biofilmes foi confirmada por microscopia eletrônica de varredura em todas as condições de pH, com maior densidade aparente observada em pH 8,0. Os dados indicam que o pH influencia significativamente tanto a ação dos antifúngicos quanto a formação de biofilmes, ressaltando a importância de se considerar o microambiente tecidual nas infecções por *P. brasiliensis*.

Palavras-chave: atividade antifúngica, fatores de virulência, micose sistêmica, paracoccidioidomicose

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária/SETI, CAPES

Ferida crônica infectada por subpopulações de *Staphylococcus aureus* exibindo diferentes perfis de sensibilidade aos antimicrobianos

Maria Fernanda Melim Gomes Carneiro^{1,2}; Camila Gonçalves Custódio^{1,2}; Isabela Madeira de Castro²; Rafaela Rodrigues Moraes²; Fabiane Urizzi³; Eliandro Reis Tavares²; Lucy Megumi Yamachui²; Sueli Fumie Yamada-Ogatta²

¹Estudante de Iniciação científica; Graduanda em Medicina, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

³Hospital Universitário de Londrina, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: maria.fernanda.mgc@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Staphylococcus aureus integra à microbiota da pele saudável, porém no contexto de feridas crônicas, está associado a pior prognóstico que favorece a persistência da infecção. Este caso descreve um paciente masculino, de 65 anos, atendido no AEHU (Ambulatório de especialidades do Hospital Universitário de Londrina) para tratamento da ferida crônica (0,5 x 3 x 1,5 cm) localizada no calcâneo esquerdo. O diagnóstico foi lesão por pressão grau IV em evolução há 2 anos. Na anamnese, o paciente relatou ser portador de hipertensão arterial sistêmica e Diabetes Mellitus tipo II, nega tabagismo e etilismo. Para a coleta de material biológico foi utilizado um swab umedecido em salina (0,85%). A coleta foi aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa da UEL (CEP/UEL no. documento 81633724.0.0000.5231). O material biológico foi semeado em diferentes meios de cultura (BHI ágar, Manitol, MacConkey e Chromagar). Três isolados foram diferenciados de acordo com a morfologia e o tamanho das colônias. Para a identificação foram realizados testes fenotípicos, a partir da coloração de Gram. E para a confirmação da espécie, realizou-se reação em cadeia da polimerase (PCR) multiplex direto das colônias utilizando o gene *nuc* (codifica para termonuclease), sendo os três isolados identificados como *Staphylococcus aureus*. O perfil de sensibilidade dos isolados de *S. aureus* foi determinado utilizando o teste de disco-difusão em ágar conforme o BrCast (2025). Os isolados apresentaram resistência à penicilina e à azitromicina. Em relação a sensibilidade, todos foram sensíveis a cefoxitina, caracterizando-os como MSSA (*Staphylococcus aureus* sensíveis à meticilina). Além disso, o primeiro isolado foi sensível à levofloxacino, clindamicina, sulfazotrim e linezolida; o segundo foi sensível à tetraciclina, levofloxacino, sulfazotrim e linezolida; e o terceiro isolado, à clindamicina, com sensibilidade intermediária à levofloxacino. A caracterização dos isolados bacterianos de feridas, principalmente, em relação a sensibilidade aos antimicrobianos, permite um direcionamento adequado da terapia antimicrobiana, diminuindo falhas terapêuticas e o risco de seleção de resistência bacteriana. Os resultados destacam a importância da integração entre um laboratório de microbiologia e a clínica médica para uma abordagem terapêutica específica, contribuindo para um melhor prognóstico do paciente.

Palavras-chave: cefoxitina, identificação fenotípica, resistência antimicrobiana, teste de sensibilidade microbiana

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária CHAMADA PÚBLICA 23/2024

Infecção polimicrobiana em ferida crônica de membro inferior associada a comorbidades vasculares e metabólicas

Rafaela Rodrigues Moraes^{1,2}; Isabela Madeira de Castro²; Camila Gonçalves Custódio²; Maria Fernanda Melim Gomes Carneiro²; Renata de Cássia Benetti Zanoni²; Jussevania Pereira Santos²; Fabiane Urizzi³; Eliandro Reis Tavares²; Lucy Megumi Yamauchi²; Sueli Fumie Yamada-Ogatta²

¹Estudante de Iniciação Científica; Graduanda em Ciências Biológicas Bacharelado, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

³Hospital Universitário de Londrina, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: rafaela.moraes@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Feridas crônicas são frequentemente associadas à presença de infecção polimicrobiana, especialmente em pacientes com múltiplas comorbidades que comprometem a cicatrização e a resposta imunológica. Este relato de caso descreve o perfil microbiológico de uma ferida crônica infectada em paciente com histórico clínico complexo, destacando a diversidade de microrganismos envolvidos. A paciente, do sexo feminino, 61 anos, residente em Londrina-PR, apresentou ferida de etiologia não diagnosticada, localizada próxima ao maléolo lateral do membro inferior esquerdo (MIE), com duração de quatro meses. A lesão apresentava profundidade de 0,1 cm, comprimento de 3 cm e largura de 2 cm. O quadro clínico foi agravado por múltiplas comorbidades, destacando-se a trombose venosa profunda e o diabetes mellitus tipo 2. Durante atendimento hospitalar, foi realizada a coleta de material biológico diretamente do leito da ferida utilizando swab esterilizado e umedecido em solução salina (0,85%). A coleta de amostras para isolamento das bactérias foi realizada durante atendimento de rotina no Ambulatório de Especialidades do Hospital Universitário aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa da UEL (CEP/UEL no. 81633724.0.0000.5231 e parecer no. 7.026.979). As amostras foram semeadas em diferentes meios de cultura (BHI ágar, manitol salgado, MacConkey e Chromagar). Em seguida, realizou-se coloração de Gram e testes fenotípicos específicos para caracterização preliminar dos microrganismos. Para confirmação, aplicaram-se análises moleculares por PCR, identificando dois isolados como *Staphylococcus aureus*, um como *Pseudomonas* spp. e outro pertencente à família *Enterobacteriaceae*. O perfil de sensibilidade de *S. aureus* aos antimicrobianos foi determinado pelo teste de disco-difusão em ágar de acordo com o BrCast (2025). Os dois isolados apresentaram resistência à penicilina, sendo um deles, resistente também à cefoxitina o que o caracteriza como MRSA (*S. aureus* resistente à meticilina). Além disso, também apresentou resistência à clindamicina e linezolida, enquanto o outro isolado apresentou sensibilidade intermediária à levofloxacino. Essa abordagem permitiu traçar o perfil microbiológico da ferida e demonstrar sua natureza polimicrobiana. A diversidade de microrganismos isolados ressalta a importância de uma abordagem diagnóstica precisa para o manejo de infecções em feridas crônicas, especialmente em pacientes com fatores de risco sistêmicos significativos. O caso evidencia a necessidade de vigilância microbiológica, sobretudo quanto à resistência antimicrobiana e à correta identificação dos patógenos para a escolha terapêutica adequada.

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas* spp., cocos Gram-positivos, bacilos Gram negativos, resistência antimicrobiana

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária CHAMADA PÚBLICA 23/2024

Infecções da corrente sanguínea: um panorama do aumento da resistência antimicrobiana no período de dez anos do Hospital Universitário de Londrina

Larissa Sugiura¹; Alanis Cassamassimo¹; Gerusa Luciana Magalhães¹; Julia da Silva Pimenta¹; Marcia Regina Eches Perugini¹; Maria Julia Onça Moreira¹; Marsileni Pelisson¹; Pedro Olimpio Siqueira Castilho¹; Eliana Carolina Vespero¹

¹Departamento de Patologia, Análises Clínicas e Toxicológicas, Centro de Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: larissa.sugiura@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A hospitalização é uma realidade comum no Brasil, com mais de 13 milhões registradas pelo SUS em 2023. Entre as condições que as prolongam, destacam-se as infecções da corrente sanguínea (ICS), associadas a altas taxas de mortalidade e elevados custos hospitalares. Os principais patógenos responsáveis são os cocos gram-positivos (CGP), como *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus coagulase-negativo* (SCN) e *Enterococcus spp.*, e os bacilos Gram-negativos (BGN), como *Klebsiella pneumoniae* (KPN), *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Acinetobacter baumannii*. A condição é agravada pela resistência antimicrobiana que sem tratamento adequado pode evoluir à óbito. A pandemia de COVID-19 aumentou o risco de ICS devido ao emprego constante de dispositivos invasivos e ao uso excessivo de antimicrobianos. Nesse contexto, o objetivo desse estudo foi avaliar o perfil de pacientes internados do Hospital Universitário da Universidade Estadual de Londrina (HU-UEL), de 2014 a 2023, além de avaliar o perfil de resistência dos principais patógenos isolados. No período estudado, 10.196 amostras positivas foram detectadas, identificadas e analisadas quanto o perfil de sensibilidade, pelo sistema automatizado Vitek®2 Compact. Foram analisadas as espécies bacterianas mais prevalentes e investigaram-se os principais mecanismos de resistência, como *Staphylococcus aureus* resistente à Meticilina (MRSA), *Enterococcus* resistente à Vancomicina (VRE), β -lactamase de espectro estendido (ESBL), resistência à carbapenêmicos (CR) e resistência à Polimixina (PR). A partir das análises, foi revelado que durante a pandemia de COVID-19 houve um aumento de 41% nas hemoculturas positivas, com pico em 2021, especialmente entre pacientes do sexo masculino e idosos. A taxa de mortalidade foi de 46,4%. Entre as bacteremias, 69,8% foram causadas por CGP, com destaque para *S. epidermidis* e outros SCN, e 30,2% por BGN, com *K. pneumoniae* e *A. baumannii* sendo os mais frequentes. A resistência antimicrobiana foi alta entre as Enterobacterales, com 80,2% dos isolados de *K. pneumoniae* produzindo ESBL e 55,6% CR. *E. coli* apresentou 31,2% produzindo ESBL. Entre os não fermentadores, *A. baumannii* apresentou 71% de CR, enquanto *P. aeruginosa* teve 70% das amostras sensíveis. Entre os CGP, 37% das amostras foram MRSA e 39% VRE. Diante o exposto, infere-se que o aumento significativo das ICS durante a pandemia no HU-UEL reflete a sobrecarga nas Unidades de Terapia Intensiva e mudanças nos cuidados hospitalares. A prevalência de bactérias CGP e a crescente resistência dos patógenos BGN evidenciam a necessidade urgente de estratégias eficazes de controle de infecções e políticas públicas voltadas para o monitoramento antimicrobiano e contenção da resistência antimicrobiana.

Palavras-chave: ICS, mecanismos de resistência, COVID-19

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Investigação da correlação entre técnicas *in vitro* e *in vivo* do perfil susceptibilidade de *Pseudomonas aeruginosa* a bacteriófagos individuais e em coquetel

Antônio de Held Neto¹; Pedro Henrique Takata¹; Laura Pierobão Monteiro¹; Gabriel Henrique Maximino Santos¹; Maryane Ayumi Kosugue¹; Leonardo Mito da Silva¹; Bruna Carolina Gonçalves¹; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹; Gerson Nakazato¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: antonio.held.neto@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

As infecções causadas por bactérias multirresistentes a antimicrobianos representam um problema alarmante de saúde pública, destacando-se, entre os principais patógenos a bactéria Gram-negativa *Pseudomonas aeruginosa*. Nesse contexto, inúmeras terapias alternativas estão sendo desenvolvidas para mitigar esse problema, dentre elas, distingue-se a fagoterapia, modelo terapêutico que se utiliza de bacteriófagos, vírus que infectam especificamente bactérias. Dessa forma, o presente trabalho buscou avaliar a correlação entre resultados *in vivo* e *in vitro* da atividade de bacteriófagos contra isolados hospitalares multirresistentes de *P. aeruginosa*, buscando explorar a relativa lacuna na literatura entre esses dois âmbitos da pesquisa. Para isso, foram utilizados os bacteriófagos pertencentes ao banco de fagos do Laboratório de Bacteriologia Básica e Aplicada da UEL contra isolados. Para avaliar a atividade antibacteriana dos fagos em questão, foram realizados testes como: Eficiência de Plaqueamento (EOP), *Streak-Spot Test* (SST), *Spot Test* (ST), Virulência Local (V_L) e Índice de Virulência (V_P). Com base no potencial antibacteriano dos bacteriófagos, foi então desenvolvido um coquetel visando ampliar a abrangência de bactérias sensíveis e prevenir o surgimento de resistência contra único fago. Assim, foram repetidos os testes de ST, V_L e V_P para avaliar a atividade antibacteriana do coquetel, o qual demonstrou um Host Range de até 89% contra as bactérias testadas, o que representa aumento de até 33% quando comparado aos fagos isolados. Ademais, para avaliar sua eficiência *in vivo*, foram realizados ensaios de sobrevivência em larvas de *Galleria mellonella* infectadas com cepas de *P. aeruginosa* e tratadas com o coquetel, exibindo índices de sobrevivência (S_L) de até 100%. A correlação entre os resultados obtidos nos testes *in vitro* (ST, V_L e V_P) com os testes *in vivo* (S_L) foi estabelecida utilizando o coeficiente de correlação de Spearman, onde S_L e V_P obtiveram uma interação forte (entre 0,7 e 0,89). Dessa forma, conclui-se por esse trabalho que os bacteriófagos podem ser considerados alternativas eficazes para o tratamento de infecções por *P. aeruginosa*, apresentando resultados promissores sob a ótica de diferentes técnicas *in vitro* e em testes *in vivo* preliminares. Ademais, os dados do presente trabalho indicam uma forte correlação entre resultados *in vitro* e *in vivo*, evidenciando a viabilidade de uma abordagem multi-método para prever a eficácia da atividade dos fagos *in vivo* a partir de resultados obtidos em testes *in vitro*, contribuindo para o desenvolvimento e aplicação dessa abordagem terapêutica.

Palavras-chave: bactérias multirresistentes, fagoterapia, modelos alternativos

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Isolamento e identificação de *Staphylococcus aureus* e *Pseudomonas* sp. em paciente com úlcera crônica em membro inferior

Camila Gonçalves Custódio^{1,2}; Isabela Madeira de Castro²; Maria Fernanda Melim Gomes Carneiro^{1,2}; Rafaela Rodrigues Moraes²; Fabiane Urizzi³; Eliandro Reis Tavares²; Lucy Megumi Yamauchi²; Sueli Fumie Yamada-Ogatta²

¹Estudante de Iniciação Científica; Graduanda em Medicina, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

³Hospital Universitário de Londrina, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: camila.custodio@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

As úlceras crônicas são lesões que persistem por mais de seis semanas e estão relacionadas ao quadro de insuficiência venosa crônica. Essa condição favorece a colonização de bactérias, as quais dificultam a cicatrização e, por conseguinte, agravam o quadro clínico da doença. Este caso refere-se a um paciente do sexo masculino, de 54 anos de idade, atendido em hospital da rede pública para o tratamento de ferida em tíbia esquerda com evolução de nove anos. O diagnóstico foi de úlcera de membro inferior esquerdo devido à insuficiência venosa crônica (IVC) de classificação CEAP C6, o estágio mais avançado da doença. Durante anamnese, o paciente relatou ser tabagista, negou etilismo e não apresentava outras comorbidades. A ferida apresentava 2,5 cm de comprimento, 0,6 cm de largura e 0,3 cm de profundidade. Durante uma consulta de rotina, foi realizada a coleta de material biológico do leito da ferida utilizando *swab* umedecido em salina (0,85%). A coleta de amostras para isolamento das bactérias foi aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa da UEL (CEP/UEL no. documento 81633724.0.0000.5231 e no. parecer de aprovação 7.026.979). O *swab* foi semeado em diferentes meios de culturas (BHI ágar, Manitol Salgado e MacConkey). Testes fenotípicos para cada grupo de bactérias foram realizados, após coloração de Gram, para a identificação presuntiva das espécies. Adicionalmente, para cocos Gram-positivos fermentadores de manitol, a espécie foi confirmada por multiplex-PCR utilizando o gene *nuc* (codifica para termonuclease). Assim, dois isolados foram identificados como *Staphylococcus aureus* e três, como *Pseudomonas* sp., indicando a natureza polimicrobiana na ferida desse paciente. O perfil de sensibilidade de *S. aureus* aos antimicrobianos foi determinado pelo teste de disco-difusão em ágar de acordo com o BrCast (2025). Um isolado de *S. aureus* apresentou sensibilidade à cefoxitina (FOX) e à tetraciclina (TET); sensibilidade intermediária à sulfametoxazol-trimetropima (SMX/TMP); e resistência à levofloxacino (LEV). O outro isolado foi sensível a FOX, TET e LEV; apresentou sensibilidade intermediária à SMX/TMP; e resistência à clindamicina. A identificação dos agentes infecciosos em feridas crônicas, bem como o perfil de sensibilidade aos antimicrobianos pode contribuir significativamente no manejo terapêutico do paciente. Assim, a integração entre o laboratório de microbiologia e a clínica médica é fundamental para proporcionar tratamento adequado e melhor qualidade de vida aos pacientes portadores de feridas crônicas.

Palavras-chave: ferida crônica, cocos Gram-positivos, bacilos-Gram negativos, resistência antimicrobiana

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária CHAMADA PÚBLICA 23/2024

Matriz do biofilme de *Exophiala dermatitidis* induz mortalidade e comportamento canibal em *Tenebrio molitor*

Natalia Pecin Bagon¹; Deisiany Gomes Ferreira¹; Melyssa Negri¹

83

¹Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Maringá

E-mail: na.pecin@hotmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Exophiala dermatitidis é uma levedura negra pleomórfica, frequentemente encontrada colonizando os pulmões de pacientes com fibrose cística e também encontrada no meio ambiente. É agente de feohifomicose, onicomicose e pode causar infecções cerebrais fatais, com taxas de mortalidade de até 80%. É uma levedura produtora de biofilme e embora produza quantidade relativamente discreta, é notável a sua virulência frente ao hospedeiro. A matriz, componente importante do biofilme, é responsável pela proteção das células fúngicas, evasão da resposta imune, sendo um grande fator de virulência do fungo. Neste trabalho, avaliamos o impacto *in vivo* da matriz do biofilme (MB) de *E. dermatitidis* sobre o modelo alternativo de *Tenebrio molitor*, considerando a mortalidade e alterações comportamentais. A cepa utilizada foi isolada de secreção respiratória humana de um paciente traqueostomizado (4.885.573) e está depositada nas Coleções Microbiológicas da Rede Paranaense-TAXonline do Laboratório de Micologia Médica na Universidade Estadual de Maringá (UEM). Biofilmes *in vitro* foram cultivados por 24 a 168 horas, com extração da MB a cada 24 h. Larvas de *T. molitor* foram inoculadas com 10 µL de MB na hemocela de cada larva através do segundo ou terceiro esternito e monitoradas por dez dias para análise da curva de sobrevivência. Os resultados revelaram morte de 50% da população em até 120h de acompanhamento, nas matrizes dos tempos de 24, 48, 72, 120 e 144 h. A matriz de 72 h foi a mais letal. De forma complementar, observou-se um fenômeno relevante: a exposição à MB induziu comportamentos de canibalismo entre as larvas, especialmente nas primeiras horas após a inoculação. A matriz de 72 h também foi a que mais apresentou larvas afetadas. As larvas apresentavam extensas lesões compatíveis com consumo por outros indivíduos. Os dados indicam que a matriz de *E. dermatitidis*, além de atingir diretamente a sobrevivência, pode alterar o comportamento de invertebrados, gerando estresse e respostas extremas como o canibalismo. Este estudo reforça a importância de modelos invertebrados como *T. molitor* na investigação da virulência fúngica, permitindo identificar efeitos sistêmicos e comportamentais muitas vezes não avaliados em modelos convencionais.

Palavras-chave: modelo alternativo, fungo, levedura negra

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq e CAPES

Otimização de qPCR para detecção de *Fusobacterium* em amostras salivares

Heloísa Borges da Silveira¹; Alexandre Ken Rossini Murakami¹; Bruno Shimokava¹; Helena Borges da Silveira²; Thiago França Soares³; Lucy Megumi Yamauchi³; Sueli Fumie YamadaOgatta³; Eliandro Reis Tavares³

¹Curso de Medicina, Centro de Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Londrina

²Curso de Medicina, Pontifícia Universidade Católica do Paraná

³Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: tavares.eliandro@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Alterações na microbiota humana, a disbiose, podem desencadear processos inflamatórios e favorecer o desenvolvimento de diversas doenças, como neoplasias. Nesse sentido, *Fusobacterium nucleatum*, uma bactéria comensal do trato gastrointestinal, em situações de disbiose, pode assumir um papel patogênico relevante. *F. nucleatum* associa-se ao câncer oral e colorretal por invadir tecidos, modular a imunidade e induzir inflamação crônica. No câncer colorretal, promove progressão tumoral ativando vias inflamatórias e suprimindo a resposta imune. Assim, investigar a presença e o impacto dessa bactéria pode contribuir para estratégias de identificação precoce e prevenção baseadas na modulação da microbiota. Diante disso, o objetivo do estudo foi desenhar oligonucleotídeos específicos para o gene do RNA ribossomal de *Fusobacterium* e otimizar uma reação de amplificação em tempo real (qPCR). Para isso, foram obtidas 12 sequências nucleotídicas de referência de 12 espécies de *Fusobacterium* no GenBank; estas foram analisadas e utilizadas na construção de uma sequência consenso com auxílio do software BioEdit. A partir dessa sequência, foi obtido um par de iniciadores e construído um controle positivo sintético, que foi inserido em um plasmídeo pUC57-Amp. As reações de qPCR foram realizadas em termociclador Rotor-Gene Q-Series 5PLEX-HRM (Qiagen). Em um volume final de 20 µL, foram adicionados 2 µM dos oligonucleotídeos iniciadores, *QuantiNova SYBR Green PCR* kit e 10⁶ cópias do controle positivo. Após, 13 amostras biológicas de saliva humana foram utilizadas para a purificação do DNA total e utilizadas para validação do sistema de amplificação. As condições de amplificação foram definidas com desnaturação inicial a 95 °C por 2 minutos, seguida de 45 ciclos de 95 °C por 30 segundos, 58 °C por 30 segundos e 72 °C por 30 segundos. Uma curva de dissociação foi gerada com aumento progressivo de temperatura (60 °C a 99 °C, em incrementos de 0,5 °C), determinando o pico de *melting* em 83 ± 0,5 °C. Das 13 amostras de saliva humana analisadas, 10 apresentaram resultado positivo para *Fusobacterium*. Os resultados mostraram que o par de iniciadores desenvolvido foi capaz de detectar eficientemente a presença do gênero *Fusobacterium* nas amostras biológicas testadas. Considerando que a região 16S do DNA ribossomal é amplamente utilizada para identificação de microrganismos em estudos diagnósticos e taxonômicos, os iniciadores desenhados neste estudo demonstram potencial aplicabilidade na detecção de *Fusobacterium* em material biológico, contribuindo para o desenvolvimento de estratégias moleculares que podem resultar na melhoria da qualidade de vida e prevenção de complicações relacionadas à disbiose.

Palavras-chave: microbiota, disbiose, detecção molecular

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Perfil do bacterioma oral de pacientes submetidos ao transplante alogênico de medula óssea e correlação com desfechos pós-transplante

Danielle Amanda Niz Alvarez¹; Alexandre Soares Ferreira Junior¹; Marcus Vinicius Niz Alvarez²; Larissa da Silva Souza¹; Iago Colturato³; João Victor Piccolo Feliciano⁴; George Mauricio Navarro Barros⁵; Phillip Scheinberg⁶; Welinton Yoshio Hirai⁵; Gislane Lelis Vilela de Oliveira¹

¹Departamento de Genética, Imunologia e Microbiologia, Universidade Estadual Paulista (UNESP)

²Consultor independente de bioinformática

³Hospital Amaral Carvalho, Jaú/SP

⁴Fundação Faculdade Regional de Medicina, São José do Rio Preto/SP

⁵Hospital de Amor, Barretos/SP

⁶Hospital Beneficência Portuguesa, São Paulo/SP

E-mail: danielle.alvarez@unesp.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

O transplante alogênico de medula óssea (alo-TMO) tem sido utilizado como procedimento terapêutico para neoplasias hematológicas e outras doenças não responsivas à quimioterapia. Apesar da crescente aplicação e expansão do acesso, o alo-TMO ainda está associado a significativa morbidade e mortalidade. A doença do enxerto contra o hospedeiro (DECH) é a principal complicação e causa de óbito pós alo-TMO, acometendo de 40 a 50% dos pacientes. Vários trabalhos têm demonstrado a interação da microbiota com o sistema imune de mucosas e sua associação com diversos desfechos clínicos relevantes. O objetivo deste estudo foi avaliar o bacterioma oral de pacientes submetidos ao alo-TMO e que desenvolveram DECH aguda, correlacionando com respostas clínicas. Trata-se de um estudo multicêntrico prospectivo, aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da UNESP (nº 5.138.190/2021). As amostras da mucosa oral foram coletadas nos dias -7 (pré-condicionamento), Dia 0 (alo-TMO), +30, +60, +90, +180 pós-transplante e no diagnóstico da DECH aguda. A extração do DNA foi realizada por meio de kits comerciais e a análise do bacterioma oral foi feita por meio do sequenciamento do gene 16S rRNA. Foram recrutados 62 pacientes (48% homens, com média de 41 ± 15 anos) majoritariamente diagnosticados com leucemia mieloide aguda (38%). Observou-se o desenvolvimento de DECH aguda em dez indivíduos (~16%). No total, foram processadas 144 amostras orais. O índice de diversidade de Shannon foi significativamente menor no período D+30 quando comparado a D-7 ($P = 0,04$) e D0 ($P = 0,04$). Ao analisar a distribuição das famílias bacterianas, destacou-se o período D+180 em que Streptococcaceae (42,02%) foi a família mais prevalente, seguida por Prevotellaceae (10,7%), Veillonellaceae (7,21%) e Actinomycetaceae (5,49%). Verificou-se ainda a dominância (quando abundância relativa $\geq 30\%$) dos gêneros *Streptococcus* ($n = 20$), *Rothia* ($n = 5$), *Haemophilus* ($n = 4$) e *Staphylococcus* ($n = 4$) nas amostras analisadas. A presença de dominância bacteriana esteve significativamente associada aos pacientes do sexo feminino ($P = 0,043$). Segundo nossos dados preliminares, a composição do bacterioma oral variou entre os pacientes e ao longo do tratamento, sugerindo uma possível influência na resposta imunológica ao alo-TMO. Entretanto, investigações adicionais buscarão identificar preditores biológicos para DECH e outros desfechos clínicos relevantes.

Palavras-chave: microbiota oral, dominância bacteriana, doença do enxerto contra o hospedeiro

Apoio financeiro ou bolsa: FAPESP nº 2024/02936-8

Avaliação de variáveis metodológicas na determinação da concentração inibitória mínima de *Paracoccidioides* spp.

Mariangela Cauz¹; Letícia Gabrielly de Souza¹; Eduardo Alexandre Loth²; Lilian Cristiane Baeza¹

¹Centro de Ciências Médicas e Farmacêuticas, Universidade Estadual do Oeste do Paraná

²Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Estadual do Oeste do Paraná

E-mail: mariangelacauz4@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A paracoccidioidomicose (PCM) é a principal micose sistêmica endêmica da América Latina e representa causa relevante de hospitalizações e mortalidade por micoses no Brasil. Embora existam protocolos padronizados para testes de suscetibilidade antifúngica de leveduras, fungos filamentosos e dimórficos, como *Candida*, *Cryptococcus* e *Sporothrix*, propostos por instituições como o CLSI, EUCAST e BrCAST, ainda não há diretrizes específicas para o gênero *Paracoccidioides*. Estudos *in vitro* têm recorrido a adaptações de métodos como o M27-A3, voltado para leveduras, o que contribui para a variabilidade dos resultados de Concentração Inibitória Mínima (CIM) e dificulta a padronização e comparação entre estudos. Neste contexto, este trabalho teve como objetivo avaliar a influência de diferentes variáveis metodológicas na determinação da CIM de *Paracoccidioides brasiliensis* (Pb18) e *P. lutzii* (Pb01), pela técnica de microdiluição em caldo. Os ensaios foram realizados em meio RPMI-1640 acrescido de 2% de glicose, testando-se quatro concentrações de inóculo (10^3 , 10^4 , 10^5 e 10^6 células/mL), dois tempos de incubação (3 e 5 dias a 35°C) e três métodos de leitura: visual, visual com adição de resazurina e espectrofotométrica, frente aos antifúngicos anfotericina B e itraconazol. Como controle de qualidade, foram utilizadas cepas padrão de *Candida* spp.. Os resultados mostraram que inóculos de 10^3 e 10^4 células/mL não promoveram crescimento fúngico suficiente, dificultando a leitura. Já as concentrações de 10^5 e 10^6 células/mL proporcionaram crescimento adequado e resultados consistentes. Em relação ao tempo de incubação, a ausência de variação entre os tempos testados (3 e 5 dias) indicou que três dias foram suficientes para garantir uma leitura reprodutível. A avaliação visual com adição de resazurina, na concentração de 0,02%, realizada após 48 horas de incubação e com leitura feita 24 horas após sua adição (totalizando 72 horas), evidenciou com clareza a distinção entre poços com e sem crescimento. Por outro lado, a leitura visual sem o corante apresentou baixa confiabilidade, em razão do crescimento lento do gênero *Paracoccidioides*. A leitura por espectrofotometria também mostrou limitações, provavelmente devido à formação de aglomerados celulares que comprometem a homogeneidade da suspensão. Com base nos resultados, considerou-se mais adequada a metodologia com inóculo de 10^5 células/mL, incubação por três dias e leitura com resazurina. Apesar de este estudo não ter tido como a proposição de um protocolo padronizado, os resultados podem contribuir para o aprimoramento metodológico dos testes de suscetibilidade antifúngica frente ao gênero *Paracoccidioides*.

Palavras-chave: *Paracoccidioides* spp., teste de sensibilidade, concentração inibitória mínima, microdiluição em caldo

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, Fundação Araucária

Potencial antifúngico de dimetoxichalconas e nanopartículas metálicas frente ao gênero *Paracoccidioides*

Lilian Cristiane Baeza¹; Mariangela Cauz¹; Jessica Rosset²; Vitoria Verzeletti Cauz¹; Fabiana Gisele da Silva Pinto²; Luis Octávio Regasini³; Eduardo Alexandre Loth²

¹Centro de Ciências Médicas e Farmacêuticas, Universidade Estadual do Oeste do Paraná

²Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Estadual do Oeste do Paraná

³Laboratório de Antibióticos e Quimioterápicos, Universidade Estadual Paulista,

E-mail: lilian.baeza@unioeste.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A paracoccidioidomicose (PCM) é a principal micose sistêmica endêmica da América Latina e constitui uma importante causa de internações e mortalidade por infecções fúngicas em indivíduos imunocompetentes no Brasil. O tratamento da doença ainda é desafiador, devido à disponibilidade limitada de antifúngicos eficazes, aos casos de resistência. Diante das limitações terapêuticas atuais para o tratamento da PCM, a busca por novos agentes antifúngicos se torna essencial. Entre as abordagens promissoras, destacam-se as nanopartículas metálicas, conhecidas por sua atividade antimicrobiana, e as dimetoxichalconas, compostos naturais com diversas propriedades biológicas, incluindo potencial antifúngico. O objetivo deste estudo foi avaliar a atividade antifúngica de seis derivados de dimetoxichalconas e seis nanopartículas metálicas frente a duas espécies do gênero *Paracoccidioides*: *P. lutzii* (Pb01) e *P. brasiliensis* (Pb18). As nanopartículas metálicas foram obtidas por síntese verde, sendo duas de cobre e quatro de prata, e seis análogos halogenados da 2',5'-dimetoxichalcona, obtidos por modificação estrutural com substituintes halogênicos. A atividade antifúngica foi determinada por meio da técnica de microdiluição em caldo, conforme o protocolo M27-A3 do *Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI)*, com adaptações. As Concentrações Inibitórias Mínimas (CIMs) foram determinadas após diluições seriadas nas faixas de 250 a 0,48 µg/mL para as chalconas, de 100 a 0,19 µg/mL para as nanopartículas de cobre, e de 53,5 a 0,10 µg/mL para as nanopartículas de prata. Os compostos de dimetoxichalconas apresentaram CIMs que variaram de 0,41 e 100 µg/mL, com destaque para o derivado policlorado da 2',5'-dimetoxichalcona, denominado Pol-Cl, que demonstrou maior atividade antifúngica, com CIM de 0,41 µg/mL, para ambas as espécies de *Paracoccidioides*. Entre as nanopartículas, os valores de CIM para *P. lutzii* variaram de 3,34 a 50 µg/mL e, para *P. brasiliensis*, de 3,34 a 100 µg/mL. As menores CIMs foram observadas com as nanopartículas de prata (AgNP) sintetizadas a partir de *Musa x paradisiaca* e *Pereskia aculeata*, enquanto a nanopartícula de cobre de *Myrcia oblongata* apresentou os valores mais elevados. Os resultados obtidos demonstram que os análogos halogenados da 2',5'-dimetoxichalcona e as nanopartículas metálicas avaliadas apresentam atividade antifúngica relevante frente às cepas de *Paracoccidioides*. Entre os compostos testados, destacaram-se o derivado Pol-Cl e a AgNP de *Musa x paradisiaca*. Esses achados reforçam o potencial desses compostos como alternativas terapêuticas promissoras para a PCM.

Palavras-chave: paracoccidioidomicose, concentração inibitória mínima, chalconas bioativas, nanopartículas antimicrobianas

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, Fundação Araucária

Potencial antimicrobiano de nanopartículas de prata biogênicas e óleo de canela contra *Enterococcus faecium* e *Enterococcus faecalis*

Gabrielle Modesto Maroni¹; Paulo Henrique Guilherme Borges¹; Júlia Carla Torrezan¹; Weslei Roberto Correia Cabral¹; Leonardo Dib de Sousa Abussafi¹; Eduarda Muraro de Castilho¹; Gerson Nakazato¹; Eliandro Reis Tavares¹; Lucy Megumi Yamauchi Lioni¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: gabrielle.maroni@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A emergência de bactérias multirresistentes representa um dos maiores desafios atuais no tratamento de doenças infecciosas. Entre os agentes dessas infecções, destacam-se as bactérias do gênero *Enterococcus*, que, apesar de serem comensais do trato gastrointestinal de diversos mamíferos, atuam como patógenos oportunistas, frequentemente envolvidos em infecções associadas à assistência à saúde. Esses microrganismos se caracterizam por apresentarem resistência, tanto intrínseca quanto adquirida, a múltiplos antimicrobianos. Dentre esses, destaca-se a vancomicina, um antibiótico de última linha amplamente utilizado no tratamento de infecções graves por bactérias Gram-positivas. A resistência à vancomicina em *Enterococcus* (ERV) compromete significativamente as opções terapêuticas disponíveis. Diante das limitações terapêuticas existentes, a busca por novas estratégias antimicrobianas se torna imperativa. Este estudo investigou o potencial antimicrobiano das nanopartículas de prata biogênicas (bioAgNPs) e do óleo de canela (OC), isolados ou em combinação, contra cepas de referências de *E. faecium* (ATCC 6569, ATCC 2316), e de *E. faecalis* (ATCC 29212, ATCC 51299). Para cada substância foi determinada a Concentração Inibitória Mínima (CIM). CIM de vancomicina igual a 32 µg/mL e > 64 µg/mL foram identificadas para *E. faecium* ATCC 2316 e para *E. faecalis* ATCC 51299, respectivamente, sendo essas cepas classificadas como resistentes ao glicopeptídeo, conforme as diretrizes do *Clinical and Laboratory Standards Institute* (resistência a vancomicina >4 µg/mL). Em contraste, para *E. faecium* ATCC 6569 e *E. faecalis* ATCC 29212 a CIM foi igual a 2 µg/mL, sendo classificadas como sensíveis. O OC e as bioAgNPs apresentaram CIM de 512 µg/mL e 2 µg/mL, respectivamente, para todas as cepas testadas. As análises de *checkerboard* para *E. faecalis* ATCC 29212 revelaram uma CIM combinada de 128 µg/mL e 0,062 µg/mL, com uma redução de 4 e 32 vezes nos valores de CIM para OC e bioAgNP, respectivamente. O Índice de Concentração Inibitória Fracionada (ICIF) foi igual a 0,28, indicando uma interação sinérgica entre OC e bioAgNPs. Para *E. faecium* ATCC 2316, o ICIF foi de 0,501, sendo a CIM de OC 256 µg/mL e BioAgNP 0,031 µg/mL, resultando em uma interação indiferente, mas promovendo redução de 2 vezes na CIM de OC e 64 vezes na CIM de bioAgNPs. Conclui-se que bioAgNP e OC apresentam atividade antimicrobiana, isoladamente ou em combinação, contra *Enterococcus* resistentes a vancomicina, indicando o potencial para o desenvolvimento de novas estratégias terapêuticas.

Palavras-chave: *Enterococcus* resistente à vancomicina, produtos naturais, resistência antimicrobiana

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Sepse fatal causada por *Staphylococcus aureus* em infecção de origem comunitária

Anna Paula Silva Olak¹; Deisy Mara Lima de Oliveira Aurora¹; Edvaldo Rodrigues de Oliveira Junior¹; Julia Franco Mariano¹; Matheus Hideki Fernandes Arakawa¹; Rafaela Satomi Yuyama Rodrigues¹; Aline Aparecida Bartniski¹; Márcia Regina Eches Perugini¹

89

¹Centro de Ciências da Saúde, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: annapaula.olak@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Staphylococcus aureus é um coco Gram-positivo residente da microbiota de humanos, porém, pode causar infecções superficiais e profundas em casos de rompimento de barreiras imunológicas. *S. aureus* pode adquirir e expressar diversos genes de resistência e virulência, o que o torna um microrganismo de elevada importância clínica e de difícil tratamento quando invasivo. Este relato de caso descreve a evolução fatal de uma sepsé causada por *S. aureus*, destacando a importância do estudo das características de resistência, virulência e de epidemiologia do microrganismo. G.A., sexo masculino, 8 anos, se apresentou à Unidade de Saúde local apresentando dor em membro inferior, febre e dor na região lombar e lhe foi ofertado tratamento com anti-inflamatórios. Sete dias após a consulta inicial, foi dado entrada em um hospital terciário com piora do estado geral, lesões bolhosas sanguinolentas, membros edemaciados, proteína C reativa aumentada (325,4 mg/L) e evoluiu com 3 paradas cardiorespiratórias. O paciente foi intubado e foi iniciado antibioticoterapia com linezolida. Ao nono dia de história o paciente recebeu o diagnóstico de choque séptico causado por síndrome do choque tóxico. A hemocultura foi positiva para cocos Gram positivos aglomerados e foi iniciado nova antibioticoterapia com linezolida, cefepime e clindamicina. Ao décimo dia houve resultado laboratorial de hemocultura com *S. aureus*, evoluiu com hipotensão significativa, e os antimicrobianos utilizados foram vancomicina, cefepime e clindamicina. No décimo terceiro dia de história entrou em coma arresposivo, e no décimo sexto dia foi confirmado morte encefálica. Os testes de sensibilidade aos antimicrobianos foram sensíveis para todos os antimicrobianos utilizados no tratamento, porém foi resistente à oxacilina, ou seja, um MRSA. Reação em cadeia da polimerase confirmou a presença do gene *mecA*, responsável pela resistência aos beta lactâmicos quando expresso. A origem da infecção do paciente foi comunitária, e, apesar de apresentar sensibilidade aos antimicrobianos utilizados, a bactéria se apresentou altamente virulenta. Bactérias MRSA eram conhecidas pela manifestação apenas em infecções relacionadas a assistência à saúde, porém, as taxas de MRSA, comparado a MSSA, em infecções comunitárias tem aumentado de forma significativa. Dessa forma, foi importante o conhecimento epidemiológico local para que a antibioticoterapia fosse iniciada com outras classes de antimicrobianos que não beta lactâmicos para esta infecção grave. O diagnóstico precoce de infecções causadas por *S. aureus* é fundamental para a erradicação da infecção.

Palavras-chave: *mecA*, MRSA, resistência, virulência

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES

Triagem virtual de potenciais inibidores da enzima diidroorotato desidrogenase de *Trypanosoma cruzi* por docking molecular

Gustavo Eidy Sasaki¹; Daniel Gaiotto de Lima¹; Leonardo Haas dos Santos¹; Helena Tiemi Suzukawa¹; Elen Cristina Pires de Lima²; Murilo da Silva Lopes Rodrigues²; Marcelle de Lima Ferreira Bispo²; Eliandro Reis Tavares¹; Lucy Megumi Yamauchi¹; Sueli Fumie Yamada-Ogatta¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Química, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: gustavo.sasaki@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

Trypanosoma cruzi é o agente etiológico da doença de Chagas (DC), uma importante doença tropical negligenciada. Aproximadamente 40% dos indivíduos infectados desenvolvem cardiopatias, a principal causa de morte da doença. Seu tratamento pode se estender de meses a anos e as taxas de cura decrescem exponencialmente com o início tardio de tratamento. O tratamento da DC baseia-se atualmente na utilização de dois compostos nitroheterocíclicos, benzonidazol ou nifurtimox, que apresentam efeito tripanocida e reduzem significativamente a parasitemia durante as fases aguda e crônica precoce, mas a eficácia diminui drasticamente durante a fase crônica tardia. O tratamento prolongado com estes fármacos está associado a uma série de efeitos adversos, bem como já foram relatadas cepas e formas dormentes do parasito resistentes a ambos. A enzima diidroorotato desidrogenase de *T. cruzi* (TcDHODH) catalisa a oxidação de (S)-diidroorotato em orotato na via de biossíntese *de novo* de pirimidinas, componentes essenciais na síntese de DNA, RNA, glicoproteínas e lipídeos de membrana, já que também possui atividade fumarato redutase. Portanto, o objetivo deste trabalho foi realizar uma triagem virtual baseada em *docking* molecular de potenciais inibidores, oriundos da quimioteca do Laboratório de Síntese de Moléculas Medicinais (LASMMED-UDEL), frente a enzima TcDHODH. Para este estudo, foi obtido o registro cristalográfico da TcDHODH complexada com um inibidor conhecido na plataforma *Protein Data Bank* (2E6F). O complexo foi tratado no software GOLD (2024.3.0), onde foram preservadas as águas: E1439, J1410, K1490 como flexíveis. E as águas A1378, B1418, C1398, D1417 como rígidas. Os artefatos de cristalização e demais moléculas de água foram removidas. A função de pontuação foi escolhida por *Redocking*, onde a *ChemPLP* obteve os melhores valores de RMSD ($\leq 1\text{\AA}$), que foram calculados no software Discovery Studio (v125.1.0.24284). O *docking* molecular foi realizado a partir dos parâmetros padronizados, das coordenadas do substrato complexado originalmente e com um raio de 18\AA . Os ligantes foram preparados considerando possíveis estereoisômeros, tautômeros e graus de ionização em pH 7,4. Em seguida, tiveram suas geometrias minimizadas em capo de força MMF94, implementado no Avogadro (v1. 1.1). As 5 melhores moléculas, com valores de *Fitness score* que variaram de 60.69 a 69.76 e contendo em média 3 das 4 interações com resíduos de aminoácidos essenciais, foram selecionadas para posteriores estudos *in vitro*. Por fim, este estudo identificou dentre uma ampla gama de moléculas, a presença de potenciais inibidores da enzima *TcDHODH*, incentivando investigações futuras e abrindo portas para a descoberta de novos fármacos.

Palavras-chave: *Docking* molecular, descoberta de fármacos, inibidor enzimático

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES

Vesículas extracelulares mediam a interação de *Trypanosoma cruzi* com a matriz extracelular

Izadora Volpato Rossi^{1,2}; Sarah Beatriz de Fucio Barros^{1,3}, Nusrat Sattar^{1,3}, Marcel Ivan Ramirez^{1,4}

91

¹EVAHPI Research Group, Laboratório de Biologia Celular, Instituto Carlos Chagas, Fundação Oswaldo Cruz, Curitiba, Paraná, Brasil

²Universidade Estadual de Londrina, Paraná, Brasil

³Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Universidade Federal do Paraná, Paraná, Brasil

⁴Laboratório de Biologia Celular de Tripanossomatídeos, Instituto Carlos Chagas, Fundação Oswaldo Cruz, Curitiba, Paraná, Brasil

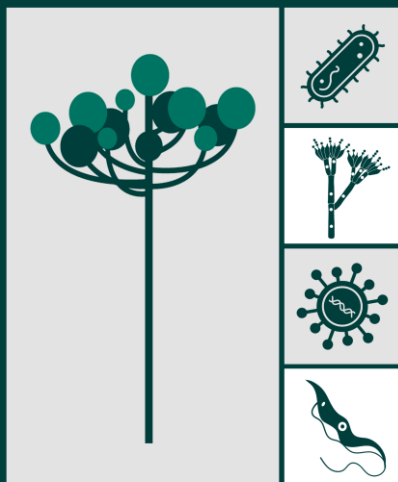
E-mail: izadoravolpato@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Médica Humana

A matriz extracelular (MEC) desempenha um papel fundamental nas interações parasito-hospedeiro, influenciando a adesão, a invasão e o tropismo tecidual do parasita. *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico da doença de Chagas, interage dinamicamente com componentes da MEC da célula hospedeira durante a infecção. Vesículas extracelulares (VEs) liberadas pelos parasitos podem mediar a interação com a MEC, remodelando e/ou degradando componentes e facilitando a migração do parasito. Resultados anteriores de análises proteômicas mostram que VEs derivadas da interação de *T. cruzi* com células hospedeiras são ricas em proteínas de adesão celular, especialmente as derivadas de células intestinais (Caco-2) em interação com a cepa Dm28c de *T. cruzi*. Assim, objetivou-se explorar o papel dessas VEs interagindo com MEC. Foram utilizadas duas linhagens celulares para simular os ambientes do hospedeiro encontrados pelo parasita: mioblastos C2C12 e células epiteliais intestinais Caco-2. Vesículas extracelulares grandes (LEVs) foram isoladas após a interação de tripomastigotas derivados de cultura de *T. cruzi* (TCTs) (CL Brener e Dm28c) com células C2C12 e Caco-2 após 2 horas de infecção. As proteínas nas LEVs foram quantificadas pelo kit BCA. Matrigel foi diluída em RPMI e adicionada ao inserto superior de Transwell (poro de 3 µm, placa de 24 poços), e a câmara inferior foi preenchida com RPMI contendo 10% de SFB. Após a solidificação do Matrigel (30–40 min a 37 °C), CL Brener TCTs (1×10^6 / poço) e LEVs (5 µg / poço) foram adicionados à câmara superior. A migração para o compartimento inferior foi avaliada em 1, 2, 3, 4 e 24 horas usando uma câmara de Neubauer. Um controle da passagem do parasito através do transwell foi realizado usando apenas o inserto na ausência de MEC, comprovando que os TCTs passaram para a camada inferior em 1 hora. Na condição que não recebeu LEVs, a migração dos parasitos através da MEC só foi encontrada após 24 h de incubação. No entanto, a adição de LEVs Caco + Dm e C2C12 (sem interação com TCTs) facilitou a migração dos parasitos através da MEC. Os resultados sugerem que VEs induzem rapidamente a remodelação da MEC em células hospedeiras, permitindo a migração de *T. cruzi*. A exportação diferencial de proteínas relacionadas à MEC pode refletir estratégias adaptativas usadas pelo parasito para colonizar tecidos distintos, apoiando o papel das VEs como determinantes da dinâmica da infecção.

Palavras-chave: *Trypanosoma cruzi*, vesículas extracelulares, matriz extracelular, interação parasito-hospedeiro, doença de Chagas

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária



V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

RESUMOS

MICROBIOLOGIA VETERINÁRIA



Avaliação da frequência de *Malassezia* spp. e agentes associados em dermatopatias e otopatias de cães e gatos

Daniel Pereira Rodrigues de Lima¹; Maria Carolina Risso Milano¹; Maria Fernanda Schmitt¹; Luan Rafael da Silva Santos¹; Nayara Emily Viana²; Felipe Hideki Ogo de Pinho²; Sérgio Tosi Cardim¹; Elsa Helena Walter de Santana¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Anhanguera Unopar

²Laboratório de Patologia Clínica e Animal Particular – Arapongas/Pr

E-mail: danielrodriguesdelima2020@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

As enfermidades dermatológicas e otológicas estão entre as principais causas de atendimento em clínicas de pequenos animais. Dentre os microrganismos frequentemente envolvidos nessas afecções, destaca-se *Malassezia* spp., uma levedura lipofílica, comensal da pele, mucosas e conduto auditivo externo de cães e gatos. O diagnóstico laboratorial, por meio de citologia direta, representa um método rápido, acessível e eficaz, permitindo a detecção de *Malassezia* spp. e de microrganismos concomitantes, como bactérias e ectoparasitas. O presente estudo teve como objetivo avaliar a frequência de ocorrência de *Malassezia* spp. em cães e gatos atendidos em uma clínica veterinária localizada no norte do Paraná, correlacionando os dados com a localização anatômica das lesões e a presença de coinfeções. Foi realizado um estudo retrospectivo, observacional e descritivo, com base na análise de 66 exames de raspado direto de cães e gatos, realizados entre março de 2023 e março de 2024. As amostras foram obtidas de lesões em pele (37,6%) e conduto auditivo externo (50,6%), coradas com panótico rápido e avaliadas em microscópio óptico em um laboratório de patologia clínica e animal localizado em Arapongas/Pr. Dos 66 exames realizados, 42 (63,6%) apresentaram positividade para *Malassezia* spp., sendo 28 (66,7%) de amostras provenientes de cães e 14 (33,3%) de gatos. Em relação à localização das lesões, observou-se que as afecções foram mais frequentes em ouvido, atingindo 75% dos cães e 85,7% dos gatos. O estudo identificou infecções mistas, que acometiam simultaneamente a pele e o ouvido, e que foram diagnosticadas em 25% dos cães e 7,1% dos gatos. Em situações predisponentes, como alergias, imunossupressão, excesso de umidade, doenças endócrinas ou uso prolongado de antibióticos, *Malassezia* spp. pode proliferar de maneira exacerbada, assumindo papel patogênico. Os sinais clínicos mais comuns incluem prurido intenso, eritema, secreção ceruminosa, espessamento da pele, alopecia e odor desagradável. O estudo também apontou para coinfeções com outros microrganismos de relevância clínica, incluindo bactérias como cocos e bacilos, fungos dermatófitos e artroconídeos, e ectoparasitas como *Otodectes cynotis*, *Sarcoptes* spp. e *Demodex* spp. foram observadas. A presença dessas coinfeções ressalta a importância de uma abordagem diagnóstica completa para garantir um tratamento abrangente e eficaz. Conclui-se que a elevada prevalência de *Malassezia* spp. reforça a importância do diagnóstico citológico precoce. A identificação correta favorece condutas terapêuticas direcionadas, evitando tratamentos empíricos e prolongados. Como consequência, obtém-se um impacto positivo no prognóstico clínico, além do bem-estar geral dos animais acometidos por esta enfermidade.

Palavras-chave: coinfeções microbianas, citologia dermatológica, pequenos animais

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Perfil microbiológico de infecções dermatológicas e otológicas em caninos e felinos

Maria Carolina Risso Milano¹; Maria Fernanda Schmitt Pereira¹; Luan Rafael da Silva Santos¹; Nayara Emily Viana²; Felipe Hideki Ogo de Pinho²; Sérgio Tosi Cardim¹; Elsa Helena Walter de Santana¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Anhanguera Unopar

²Laboratório de Patologia Clínica e Animal Particular – Arapongas/PR

E-mail: carolmilano6@hotmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

Afecções dermatológicas e otológicas são queixas recorrentes na clínica médica de pequenos animais, principalmente em cães, embora também acometam com frequência os gatos. Essas condições representam uma parcela significativa dos atendimentos veterinários e são caracterizadas por manifestações como prurido, vermelhidão, descamação, secreções e odor desagradável. Tais sinais clínicos estão geralmente associados à presença de microrganismos diversos, como bactérias, leveduras, fungos filamentosos e ectoparasitas, que podem colonizar a pele ou o conduto auditivo, levando ao desenvolvimento de processos inflamatórios como dermatites e otites. A identificação precisa dos agentes envolvidos é essencial para um diagnóstico eficaz, possibilitando a escolha do tratamento mais adequado e racional. Isso evita terapias empíricas prolongadas e o uso desnecessário de antimicrobianos, que podem contribuir para o surgimento de resistência bacteriana. Nesse contexto, o exame de raspado direto é uma ferramenta amplamente utilizada por ser simples, acessível, de baixo custo e com resultados rápidos, podendo ser realizado na rotina clínica ou enviado para análise laboratorial. Este estudo teve como objetivo identificar os principais microrganismos isolados de amostras de pele e ouvido de cães e gatos atendidos em clínica veterinária, com base em exames de raspado direto realizados entre março de 2023 e abril de 2024. Foram avaliadas 66 amostras de animais com suspeita de infecção cutânea ou otológica, sendo 50 provenientes de cães e 16 de gatos. As coletas foram realizadas com lâminas de vidro e *swabs* estéreis, conforme a localização da lesão. As amostras foram analisadas por microscopia óptica com objetiva de 40x, em laboratório particular. Os microrganismos observados foram classificados por tipo (leveduras, bactérias, fungos e parasitas), espécie animal e local da infecção. A frequência foi expressa em números absolutos e percentuais. *Malassezia* spp. foi o agente mais prevalente, detectado em 52 amostras (78,7%). Cocos e bacilos bacterianos foram observados em 48 (72,7%) e 44 (66,6%) amostras, respectivamente. Dermatófitos estiveram presentes em 15 (22,7%), e fungos filamentosos/artroconídeos em 11 (16,6%). Dentre os ectoparasitas, identificaram-se *Otodectes* spp. (15,1%), *Sarcoptes* spp. (6%) e *Demodex* spp. (4,5%). Infecções mistas foram observadas em 57,5% das amostras. Os achados reforçam a importância do raspado direto como método eficaz no diagnóstico e manejo de infecções dermatológicas e otológicas em pequenos animais.

Palavras-chave: dermatófitos, dermatopatias, microscopia direta

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq

Surto de doença respiratória de etiologia viral e bacteriana em bezerras lactentes e desmamadas em um rebanho bovino leiteiro do Estado do Paraná

Larissa Kawano Spacki¹; Mariana Previato da Silva¹; Malu Santiago Diorio Souza¹; Geovana Depieri Yoshitani¹; Silvio Luis Marsiglio Minarelli¹; Leonardo Colombo Ueyama¹; Alice Fernandes Alfieri^{1,2}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório Multiusuário em Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: larissa.kawano@uel.br

Área de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A doença respiratória bovina (DRB) é um dos principais desafios sanitários para a pecuária leiteira, responsável por perdas econômicas decorrentes do aumento nas taxas de morbidade e mortalidade nos rebanhos. A etiologia da DRB é complexa e envolve a interação de vírus e bactérias com fatores predisponentes como estresse, imunossupressão, falhas de manejo e condições ambientais inadequadas. O objetivo do estudo foi identificar os agentes infecciosos presentes no trato respiratório superior de bezerras leiteiras com DRB em um rebanho da raça Jersey da região de Ponta Grossa/PR. O diagnóstico etiológico do surto de DRB foi realizado a partir de nove amostras de swabs nasofaríngeos, de um rebanho que apresentava histórico de DRB com taxa média de 49,1% (27/55) de morbidade e de 10,3% (4/39) de mortalidade e baixa resposta a um tratamento com antibiótico de amplo espectro. As amostras de swab foram submetidas a extração de ácido nucleico de forma automatizada. As técnicas moleculares utilizadas foram PCR, *nested*-PCR, RT-PCR e RT-NPCR para a identificação de quatro bactérias (*Pasteurella multocida*; *Mannheimia haemolytica*, *Histophilus somni* e *Mycoplasma bovis*) e cinco vírus (Alphaherpesvírus bovino 1, Vírus da diarreia viral bovina, Parainfluenzavírus bovino 3, Vírus respiratório sincicial bovino e Coronavírus bovino), sendo os principais agentes envolvidos na DRB. Os produtos amplificados foram analisados por eletroforese em gel de agarose com brometo de etídio. Três amostras foram negativas para todos os agentes etiológicos investigados; duas foram positivas apenas para *M. haemolytica*; três foram positivas apenas para BCoV; e em uma amostra foi identificada infecção mista ocasionada por BCoV e BRSV. Os três agentes etiológicos identificados neste surto são considerados causa primária de DRB. A alta frequência (44,4%) de identificação de BCoV em um diagnóstico transversal, juntamente com a presença de BRSV, em associação à constatação da baixa eficiência do tratamento preconizado sugerem que esses vírus foram a causa primária do surto de DRB. Para controle do surto e prevenção de futuros foram recomendadas medidas de biossegurança, como limpeza e desinfecção rigorosas das instalações e utensílios e vacinação das vacas no terço final da gestação com vacinas que contemplem em sua composição vírus e bactérias mais frequentes em casos de DRB.

Palavras-chave: doença respiratória bovina, coronavírus bovino, vírus respiratório sincicial bovino, *Mannheimia haemolytica*, PCR

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, INCT – Leite II (CNPq 408.896.2024/8)

Diagnóstico etiológico molecular de *Parapoxvirus* em um surto de dermatite em ovelhas, Londrina/PR, Brasil

Maria Luiza de Lima Dias¹; Juliana Torres Tomazi Fritzen¹; Sarah de Castro Zuchieri²; Denise Correia Silva²; Ana Carolina Takaki¹; Larissa Kawano Spacki¹; Mariana da Silva Marques¹; Gustavo Rodrigues Queiroz²; Selwyn Arlington Headley^{3,4}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,4}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Clínica Médica de Grande Animais, Universidade Estadual de Londrina

³Laboratório de Anatomia Patológica, Universidade Estadual de Londrina

⁴Laboratório Multiusuário de Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: maria.luiza.lima@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

Doenças infectocontagiosas, como o ectima contagioso (EC), podem ocasionar prejuízos econômicos à ovinocultura e representar risco sanitário à saúde pública. No Brasil, com frequência, a determinação da ocorrência do EC resume-se principalmente ao diagnóstico clínico, sendo que o diagnóstico etiológico raramente é realizado. Entretanto, dermatites em ovelhas podem ser ocasionadas por múltiplas etiologias. O EC é causado por um vírus DNA fita dupla da família *Poxviridae*, gênero *Parapoxvirus*, denominado Orf vírus. O objetivo deste estudo foi identificar o Orf vírus em um surto em ovelhas com lesões cutâneas ocorrido em julho de 2024, no município de Londrina/PR. Dados obtidos dessa propriedade de ovinos revelaram ocorrência de sinais clínicos compatíveis com EC, tanto após a introdução inicial do plantel quanto em surtos subsequentes, com taxa de acometimento de até 60% dos animais. Para a realização do diagnóstico etiológico, foram coletadas cinco amostras de crostas de lesões orais e três swabs de feridas de ovinos acometidos. As oito amostras foram submetidas à extração de ácido nucleico pela técnica de sílica/isotiocianato de guanidina. A detecção do DNA do Orf vírus foi realizada por meio da técnica de PCR para a amplificação parcial do gene da DNA polimerase viral, gerando um fragmento de 630 pares de bases. Os produtos amplificados foram analisados por eletroforese em gel de agarose com brometo de etídio. Cinco (62,5%) das oito amostras coletadas foram positivas na PCR, sendo três swabs e duas amostras de crostas de feridas. Para a confirmação da identidade do produto amplificado, um *amplicon* com melhor qualidade foi submetido à purificação, à quantificação e, posteriormente, ao sequenciamento de nucleotídeos pelo método de Sanger. Análises de similaridade de nucleotídeos revelaram que a cepa identificada neste estudo apresentou de 99,8 a 98,7% de similaridade com cepas disponíveis no GenBank e 99,1% com a cepa protótipo. A confirmação do *Parapoxvirus* como agente etiológico do surto de EC evidencia a importância da vigilância sanitária e do diagnóstico laboratorial no controle desta infecção, devido à sua relação com casos humanos. Por se tratar de uma zoonose, o EC exige ações integradas de diagnóstico e controle envolvendo saúde animal e saúde pública.

Palavras-chave: ovinocultura, Orf vírus, ectima contagioso, zoonose, sequenciamento

Apoio financeiro ou bolsa: INCT – Leite II (CNPq 408.896/2024-8)

Identificação molecular de *Scutavirus chelonidalpha5* em tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*) de vida livre no Brasil

Gabriela Donini Cesário^{1,3}; Camila Miguel²; Mariana da Silva Marques¹; Diana Bittar Valero¹; Vinicius Rodrigues Bon^{1,3}; Michele Lunardi¹; Alice Fernandes Alfieri¹; Amauri Alcindo Alfieri¹

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Projeto Chelonia Mydas, Instituto Marcos Daniel (IMD)

³Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, Universidade Estadual de Londrina

⁴Laboratório Multiusuário de Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: gabriela.donini@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A fibropapilomatose (FP) é uma doença epizootica com distribuição global que afeta todas as espécies de tartarugas marinhas. Porém, poucos estudos focam especificamente na tartaruga-de-pente (*Eretmochelys imbricata*). Trata-se de uma condição multifatorial e multietiológica, frequentemente associada a ambientes impactados por atividades humanas, onde diversos estressores podem favorecer o desenvolvimento de tumores. No Brasil, há apenas um registro de FP em uma tartaruga-de-pente em cativeiro e, até o momento, não haviam sido realizados estudos moleculares relacionados ao *Chelonid alphaherpesvirus 5* (ChAHV5), atual *Scutavirus chelonidalpha5*, nessa espécie ao longo da costa brasileira. Este estudo teve como objetivo detectar o ChAHV5 em tartarugas-de-pente de vida livre, com FP ou assintomáticas, no recife de Coroa Vermelha, Bahia. Entre janeiro de 2023 e agosto de 2024, treze indivíduos foram capturados intencionalmente. Após exames físicos, foram coletadas amostras de pele, swabs oculares e cloacais, além de sangue, para análises moleculares. A técnica de semi-nested-PCR foi utilizada visando a amplificação parcial do gene UL30, com primers específicos para tartarugas marinhas (ChMydasPolHV e GTHV2). Sequências de nucleotídeos obtidas a partir de amplicons foram avaliadas quanto à qualidade dos cromatogramas utilizando o programa PHRED, considerando aceitáveis os escores de qualidade de base ≥ 20 . As sequências consensuais foram montadas com o software CAP3, e suas identidades foram determinadas por meio de comparação com sequências disponíveis no GenBank, utilizando o programa BLASTn. Alinhamentos pareados e múltiplos em nível de nucleotídeos, bem como a matriz de sequência nucleotídica, foram realizados utilizando o ClustalW no software BioEdit versão 5.0.9. Dois indivíduos testaram positivo para o gene UL30 do ChAHV5. O animal CV478, apresentava lesão sugestiva de FP no olho esquerdo, teve o DNA viral detectado em swab cloacal e coágulo sanguíneo. O indivíduo CV477, assintomático, foi positivo para amostra de pele. As sequências obtidas mostraram 100% de identidade entre si e alta similaridade (95,2% a 100%) com cepas previamente detectadas em outras espécies de tartarugas marinhas das regiões Sul, Sudeste e Nordeste do Brasil. Este é o primeiro registro molecular da presença de ChAHV5 em *Eretmochelys imbricata* no Brasil, e também o primeiro relato de uma lesão sugestiva de FP em uma tartaruga-de-pente de vida livre nesta região. Os achados indicam que essa espécie é suscetível ao ChAHV5, independentemente da presença de sinais clínicos da doença.

Palavras-chave: fibropapilomatose, réptil, chelonid alphaherpesvirus 5, DNA polimerase

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES

Diagnóstico molecular e sorológico de neosporose em um surto de abortamento em rebanho bovino leiteiro de alta produção

Malu Santiago Diorio Souza¹; Beatriz Martins Machado¹; Jorgeana Guadanhini Negrizolli²; Mariana da Silva Marques¹; Fernando de Souza Rodrigues²; Alais Maria Dall Agnol¹; Alice Fernandes Alfieri^{1,3}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,3}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório de Protozoologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

³Laboratório Multiusuário de Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: malu.santiago.diorio@uel.br

Área de conhecimento: Microbiologia Veterinária

Falhas reprodutivas comprometem diretamente a produção e produtividade da cadeia produtiva de leite. A neosporose, ocasionada pelo protozoário *Neospora caninum*, destaca-se entre as principais doenças infecciosas associadas a surtos de abortamentos em rebanhos bovinos. A transmissão transplacentária eficiente é responsável pelo aumento na prevalência de neosporose em rebanhos leiteiros. Este estudo teve o objetivo determinar a etiologia de um surto de abortamento em um rebanho de bovino leiteiro, por meio de técnicas sorológicas e moleculares. O rebanho localizado na região Centro Oriental Paranaense, destaque na produção leiteira brasileira, teve histórico de sete abortos em um intervalo de cinco dias. Amostras de tecido (rim, baço, pulmão, coração, encéfalo, linfonodo, intestino, fígado e placenta) de um feto abortado e soro de 12 vacas, foram enviados para diagnóstico. Seis das 12 vacas avaliadas apresentaram histórico de aborto recente. A presença de sete agentes infecciosos associados a abortos em bovinos (*N. caninum*, *Alphaherpesvírus* bovino 1, Vírus da diarreia viral bovina, *Brucella abortus*, *Histophilus somni*, *Leptospira* spp. e *Mycoplasma bovis*) foi avaliada por técnicas moleculares: reação em cadeia polimerase (PCR), reação em cadeia polimerase precedida de transcrição reversa (RT-PCR) e *nested*-PCR. A identificação de anticorpos anti-*N. caninum* foi realizada pela técnica da reação de imunofluorescência indireta (RIFI). De todos os microrganismos (bactérias, vírus e protozoário) investigados as análises moleculares revelaram somente a presença de infecção singular por *N. caninum* que foi detectado em fragmentos de rim, pulmão, coração, encéfalo e linfonodo do feto abortado. A RIFI demonstrou a presença de anticorpos anti-*N. caninum* em 9 (75.0%) das 12 vacas avaliadas, incluindo as seis vacas com histórico de aborto recente, confirmando a circulação do protozoário no rebanho. A avaliação do histórico reprodutivo do rebanho, dos resultados obtidos nas técnicas moleculares e da sorologia possibilitou definir a neosporose como etiologia do surto de abortamento avaliado. Abortos em bovinos são multietiológicos. Os resultados deste estudo ressaltam a importância da disponibilidade de sistemas complexos de diagnóstico etiológico que possibilitam a identificação de múltiplos microrganismos. Com isso, medidas de biossegurança, incluindo alterações de manejo, puderam ser implementadas no rebanho com o objetivo de, sem comprometimento da produção e produtividade leiteira, reduzir a taxa de transmissão do *N. caninum* no rebanho.

Palavras-chave: reação em cadeia polimerase, reprodução, aborto, *Neospora caninum*

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, INCT – Leite II (CNPq: 408.896/2024-8)

Investigação da excreção de RNA de SARS-CoV-2 no trato respiratório superior de cães diagnosticados com gastroenterite pelo parvovírus canino

Giovana Oliveira Nunes Souza¹; Lorena Almeida¹; Ana Carolina Takaki¹; Vinícius Rodrigues Bon¹; Gabriela Donini Cesário¹; Juliana Carolina Soares¹; Alice Fernandes Alfieri^{1,2}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}; Michele Lunardi^{1,2}

¹Laboratório de Virologia Animal, Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório Multiusuário de Saúde Animal, Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: michelelunardi@gmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

Em dezembro de 2019, a China notificou a comunidade internacional sobre o surgimento de uma pneumonia de etiologia desconhecida, posteriormente identificada como COVID-19, causada pelo vírus SARS-CoV-2. Inicialmente transmitido de animais silvestres para humanos, o vírus também demonstrou potencial infectivo em animais domésticos, como cães e gatos, caracterizando um fenômeno de zoonose. Diante da estreita convivência entre humanos e cães em ambientes domiciliares, e considerando que a parvovirose canina é uma doença viral que causa imunossupressão significativa, este estudo teve como objetivo investigar a excreção de RNA de SARS-CoV-2 por cães diagnosticados com gastroenterite por parvovírus canino (CPV-2). A pesquisa foi conduzida no Hospital Veterinário da Universidade Estadual de Londrina (HV-UEL) entre os meses de abril a junho de 2025. Cães com sinais clínicos compatíveis com parvovirose foram submetidos à coleta de swabs orofaríngeos e retais. A infecção por CPV-2 foi confirmada por PCR convencional, enquanto a detecção de RNA de SARS-CoV-2, excretado pelos animais com parvovirose, foi realizada por RT-qPCR. Dos dezesseis cães que participaram do estudo, a maioria apresentando sinais clínicos de gastroenterite caracterizada por vômito e diarreia, além de apatia, anorexia, desidratação e intensa leucopenia, 100% tiveram fragmento genômico de CPV-2 amplificado a partir das fezes. A maioria dos cães era jovem, não possuía vacinação adequada e mantinha contato direto com seus tutores, alguns dos quais apresentaram sintomas gripais no período próximo à internação dos animais. Apesar destes fatores, nenhum dos cães apresentou excreção detectável de RNA de SARS-CoV-2 por meio da técnica de transcrição reversa seguida de PCR em tempo real. No entanto, a ocorrência de resultados falso-negativos foi descartada devido à observação de amplificação no controle positivo utilizado e a presença de amplificação do controle exógeno adicionado na etapa de extração de ácido nucleico das amostras de todos os animais avaliados. Esta investigação não demonstrou a circulação do SARS-CoV-2 no período do estudo em cães imunossuprimidos atendidos no HV-UEL. Ao contrário do reportado em trabalhos anteriormente publicados no Brasil, este estudo foi realizado em um momento em que a circulação do vírus da COVID-19 na população humana parece não ser significativa, refletindo, portanto, na ausência de infecção nos cães avaliados. Esses achados contribuem para a compreensão da dinâmica da infecção pelo SARS-CoV-2 em cães, especialmente em contextos de baixa prevalência em humanos, além de reforçarem a importância da imunização adequada contra o CPV-2 e da vigilância epidemiológica contínua de doenças emergentes no âmbito da Saúde Única.

Palavras-chave: *Canis lupus familiaris*, coronavírus, COVID-19, *Protoparvovirus* carnivoran1, saúde única

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Etiologia viral de um surto de diarreia neonatal em um rebanho bovino leiteiro de alta produção

100

Mirella Lorusso Ferreira¹; Mariana da Silva Marques¹; Giovana Oliveira Nunes Souza¹; Silvio Luís Marsiglio Minarelli¹; Keith Ester Campos¹; Carolina Yuka Yasumitsu¹; Alais Maria Dall Agnol¹; Alice Fernandes Alfieri^{1,2}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório Multiusuário em Saúde Animal (LAMSA), Universidade Estadual de Londrina

E-mail: mirella.lorusso@uel.br

Área de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A Diarreia Neonatal Bovina (DNB) é considerada uma das principais ocorrências sanitárias na criação de bezerras em rebanhos leiteiros. A DNB ocasiona aumentos consideráveis nas taxas de morbidade e de mortalidade de bezerras, com consequente prejuízo econômico ao sistema de produção e comprometendo o bem-estar animal. A DNB ocasiona ainda impactos negativos no desenvolvimento dos animais neonatos e maior susceptibilidade a outras infecções, com destaque para pneumonias. A DNB possui características multifatorial e multietiológica, envolvendo o ambiente, agente etiológico (viral, bacteriano e/ou parasitário) e animal susceptível, tornando complexo o controle e prevenção dessa síndrome. O objetivo deste relato de caso foi avaliar as diferentes etiologias virais associadas a um surto de DNB em um rebanho leiteiro de alta produção em Carambeí-PR. Foram coletadas 16 amostras fecais, sendo oito provenientes de bezerras com diarreia e oito de bezerras assintomáticas, que constituiu o grupo controle. Das oito amostras diarreicas, três foram obtidas de um mesmo animal em três momentos distintos, quatro amostras foram coletadas de duas bezerras diferentes, em dois momentos distintos e uma amostra coletada de uma bezerra em um só momento. Suspensões fecais de 10 a 20% (peso/volume) foram submetidas à extração de ácido nucleico pelo método de sílica/isotiocianato de guanidina. A presença de RNA de rotavírus A (RVA) e do vírus da diarreia viral bovina (BVDV) foi investigada por RT-PCR, enquanto para coronavírus bovino (BCoV) empregou-se uma semi-nested-RT-PCR. RVA foi o único agente viral identificado em 87,5% (7/8) amostras fecais diarreicas. Adicionalmente, a presença de RNA de RVA foi identificada nas fezes de uma mesma bezerra nos três períodos avaliados. Das bezerras avaliadas em dois momentos distintos, RVA foi identificado em uma delas em ambas as coletas e na outra somente na primeira coleta. Nas fezes do grupo controle não foi identificado RNA de RVA. BVDV e BCoV não foram identificados nas amostras fecais das bezerras dos grupos com e sem diarreia. Em conclusão pode-se afirmar que a rotavirose foi a causa do foco de DNB descrita neste relato. O controle e prevenção da DNB deve ser abordado em várias esferas no âmbito da propriedade, visando melhorias no ambiente, nutrição e sanidade de animais recém-nascidos. Com o objetivo de minimizar as consequências negativas da DNB recomenda-se a adoção de programas de vacinação para controle de DNB e de biossegurança, incluindo limpeza e desinfecção rigorosas das instalações e utensílios, além da otimização dos protocolos de manejo de colostro.

Palavras-chave: cadeia produtiva do leite, rotavírus A, rotavirose

Apoio financeiro: CNPq, CAPES, Fundação Araucária, INCT – Leite II (CNPq 408.896.2024/8)

Caracterização molecular de *Escherichia coli* em frangos de corte: avaliação de genes de virulência e potencial zoonótico

Danilo Henrique Rabacal Alves¹; Victor Dellevedove Cruz¹; Bruno Henrique Dias de Oliva¹; Gerson Nakazato¹; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹

101

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: danilo.henriqueralves@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A avicultura representa um setor de fundamental importância econômica para diversos países, com destaque para China, Estados Unidos e Brasil, apresentando constante expansão em virtude do aumento da demanda global pela carne de frango. Contudo, esse sistema produtivo intensivo requer a adoção de medidas de biossegurança específicas, incluindo o uso de antimicrobianos, que embora essenciais para assegurar a saúde animal, podem promover a seleção de bactérias resistentes, transformando os animais de produção em potenciais reservatórios de microrganismos patogênicos. Dentre estes, destaca-se *Escherichia coli*, bactéria Gram-negativa da família Enterobacteriaceae, de metabolismo anaeróbico facultativo, comum do trato gastrointestinal de aves e humanos. A relevância sanitária desta bactéria reside no fato de que isolados de origem aviária podem apresentar similaridades genômicas com cepas clínicas humanas, configurando um risco potencial à saúde pública. Diante deste contexto, o presente estudo teve como objetivo caracterizar o perfil de virulência de *E. coli* em diferentes etapas da cadeia produtiva de frangos de corte, visando identificar pontos críticos para implementação de medidas de controle mais eficientes e garantia da segurança alimentar. Para tanto, foi realizado um monitoramento longitudinal envolvendo três lotes avícolas, com coletas sistemáticas em diferentes fases produtivas (matrizes, pintainhos de um dia e frangos em fase de abate), totalizando 79 isolados obtidos a partir de swabs cloacais, amostras de água, ração, cascudinhos e propés de camas. As amostras foram processadas mediante diluição seriada (1:10) em Água Peptonada Tamponada, com posterior plaqueamento em Ágar MacConkey, tanto na forma convencional quanto suplementado com Enrofloxacin (8 µg/ml) e Cefotaxima (8 µg/ml), com seleção preferencial de colônias resistentes para subsequente identificação bioquímica e extração de DNA. A análise molecular por PCR permitiu a detecção dos genes de virulência *iroN*, *hlyF*, *iutA*, *ompT* e *iss*, considerados preditores mínimos para *E. coli* patogênica aviária (APEC). Os resultados demonstraram uma prevalência diferenciada entre os genes investigados: *ompT* (49,3%), *iutA* (43%), *iroN* (34%), *iss* (34%) e *hlyF* (29%). Do total de isolados, 11 (14%) apresentaram simultaneamente os cinco genes de virulência, enquanto 12 (15%) exibiram quatro genes, sendo *hlyF* o menos frequente neste grupo. Tais achados evidenciam que isolados de *E. coli* de origem aviária podem portar um arsenal genético compatível com capacidade patogênica tanto em aves quanto em humanos, reforçando a necessidade de implementação de programas de monitoramento baseados no conceito One Health, com o propósito de mitigar riscos à saúde pública e assegurar o bem-estar animal.

Palavras-chave: patogenicidade, *One Health*, PCR, avicultura, saúde pública

Apoio financeiro ou bolsa: Fundação Araucária

Nanopartícula de prata biogênica como moduladora do eixo intestino-pulmão em frangos de corte desafiados com APEC

Maísa Fabiana Menck-Costa¹; Ana Angelita Sampaio Baptista²; Mariana Marques Bertozzi³; Waldiceu Aparecido Verri Junior³; Bruna Carolina Gonçalves¹; Bruna Marcela De Lima¹; Maria Luiza Francisconi Lubanco Thomé¹; Ulisses de Pádua Pereira²; Gerson Nakazato¹; Renata Katsuko Takayama Kobayashi¹

¹Departamento de Microbiologia, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina

³Departamento de Ciências Patológicas, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: maisa.menckcosta@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A resistência antimicrobiana tem impulsionado a busca por alternativas naturais e eficazes. A nanopartícula de prata biogênica (bio-AgNP) tem se destacado por sua ação antimicrobiana multifatorial, associada à baixa toxicidade celular e boa estabilidade coloidal. Em frangos de corte, *Escherichia coli* patogênica aviária (APEC), agente etiológico da colibacilose, pode atravessar a barreira intestinal, atingir órgãos internos e desencadear inflamações respiratórias. A enzima N-acetil-β-D-glicosaminidase (NAG), presente em macrófagos ativados, constitui um marcador de resposta inflamatória. Este estudo avaliou o efeito do tratamento com bio-AgNP em frangos desafiados com APEC, por meio da quantificação de APEC em órgãos sistêmicos e da atividade da enzima NAG no pulmão. Foram utilizados 96 frangos da linhagem Cobb, alojados em ambiente controlado (CEUA/UEL 093/2021) e divididos em dois grupos: T1, aves desafiadas e não tratadas e T2, aves desafiadas e tratadas. O desafio com APEC foi realizado por gavagem oral (10^9 UFC/mL), nos dias 4 e 5. O tratamento com bio-AgNP (NanoVerdeAg[®]) foi administrado por gavagem, nos dias 7, 8 e 9, duas vezes ao dia, na dose de 51 mg/kg. As autópsias foram realizadas nos 12^o, 22^o e 42^o dia de vida (dv), com coleta de amostras (fígado, baço, coração e pulmão) para análises posteriores. A quantificação de APEC em órgãos foi realizada em ágar MacConkey após diluição seriada, e os dados expressos como Log₁₀ UFC/g. A atividade da enzima NAG foi mensurada por método colorimétrico, no pulmão. Após verificação dos pressupostos de normalidade e homogeneidade dos resultados, aplicou-se ANOVA. Para a quantificação de APEC em órgãos, os dados de UFC/g foram submetidos à transformação logarítmica (Log₁₀). As médias observadas para o grupo controle não tratado (T1) foram de 1,13, 0,68 e 1,03, enquanto para o grupo tratado (T2) foram de 0,41, 0,49 e 0,61, nos 12^o, 22^o e 42^o dv, respectivamente. Apesar da redução nas médias ao longo do tempo no grupo tratado, apenas no 12^o dv observou-se diferença estatisticamente significativa entre os grupos, com menor quantificação de APEC em T2 em comparação ao grupo controle ($p=0,0021$). A enzima NAG também apresentou menor atividade no grupo tratado com bio-AgNP ao longo do tempo, com diferença significativa aos 42 dias ($p=0,028$). Esses achados indicam que o tratamento com bio-AgNP preservou o eixo intestino-pulmão, evidenciado pela menor translocação de APEC para órgãos internos e pela redução da inflamação pulmonar. Tais resultados reforçam o potencial da bio-AgNP como alternativa ao uso de antimicrobianos convencionais na avicultura.

Palavras-chave: colibacilose aviária, nanopartículas antimicrobianas, translocação bacteriana, inflamação pulmonar, avicultura

Apoio financeiro ou bolsa: Lar cooperativa, Fundação Araucária

Detecção molecular de reovírus aviário em fezes de *Zenaida auriculata* (Aves: *Columbidae*) na região Oeste do Paraná

Pedro Lopes Ferrari¹; Carolina Isabela Mucellini¹; Aline Fernanda dos Santos¹; Ellen Kistemacher Welter²; Julia Camilly Dal Bem²; Anderson Luiz de Carvalho²; Elisabete Takiuchi¹

¹Universidade Federal do Paraná – Setor Palotina, Departamento de Ciências Veterinárias, Laboratório de Virologia Animal

²Universidade Federal do Paraná – Setor Palotina, Hospital Veterinário, Serviço de Atendimento de Animais Silvestres e Exóticos

E-mail: e.takiuchi@ufpr.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

Os reovírus aviários (ARVs) pertencentes à família *Reoviridae* e ao gênero *Orthoreovirus*, são vírus não envelopados com RNA de fita dupla, composto por 10 segmentos genômicos, capazes de infectar aves domésticas e silvestres. Em frangos de corte e poedeiras, a infecção por ARV está associada a quadros de artrite e tenossinovite, culminando com impactos significativos para a avicultura industrial. No entanto, a ocorrência desses vírus em aves silvestres, particularmente no Brasil, permanece pouco estudada. O gene conservado S4, que codifica a proteína não estrutural σ NS, é o principal alvo para o diagnóstico molecular, enquanto o gene S1, mais variável, é utilizado na genotipagem de variantes virais e inferência filogenética. *Zenaida auriculata* (pomba-de-bando) é uma ave silvestre nativa do Brasil, considerada uma espécie sinantrópica facultativa, devido à sua ampla distribuição e adaptação a ambientes agrícolas e urbanos. Até o momento, não há registro de investigação do ARV nessa espécie no Brasil. O objetivo deste estudo foi investigar a ocorrência de ARV em fezes de *Zenaida auriculata* coletadas nos municípios de Palotina e Toledo, no Oeste do Paraná. Foram analisadas 22 amostras fecais que foram submetidas à extração de RNA com QIAamp® Viral RNA Mini Kit (QIAGEN). O DNA complementar foi sintetizado utilizando o kit GoScript™ Reverse Transcription Mix (Promega), seguida da reação de semi-nested PCR com *primers* específicos para o gene S4, com produto esperado de 704 pb. Como controle positivo foi utilizada a vacina comercial contendo a cepa S1133 viva atenuada (Vaxxon® REO L, Vaxxinova). As amostras positivas foram submetidas ao sequenciamento pelo método Sanger. Das 22 amostras analisadas, 10 (45,5%) resultaram positivas para ARV com amplificação de um fragmento de tamanho compatível com o controle positivo. A análise pelo BLASTn revelou que os *amplicons* apresentaram alta similaridade com sequências de ARVs depositadas no GenBank. Este é o primeiro relato de detecção do ARV em *Z. auriculata* no Brasil, sugerindo a suscetibilidade dessa espécie silvestre sinantrópica à infecção. Como perspectivas futuras, está prevista a amplificação do gene S1, com objetivo de caracterizar genotipicamente os isolados obtidos e investigar possível vínculo epidemiológico com cepas de reovírus aviário que circulam em aves comerciais.

Palavras-chave: gene S4, RT-PCR, pomba-de-bando

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, UFPR-Tesouro Nacional

Constelação genotípica de duas cepas de campo de rotavírus espécie A genotipo G10P[5] em rebanhos bovinos brasileiros

104

Beatriz Martins Machado¹; Marcos Vinicius de Oliveira¹; Larissa Kawano Spacki¹; Isadora Costa Oliveira¹; Ana Carolina Takaki¹; Fernanda Raquel Porto Lopes¹; Pamela Andrina Martins¹; Ana Clara Queiroz Artoni¹; Alice Fernandes Alfieri^{1,2}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório Multiusuário de Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: beatriz.mmachado@uel.br

Área de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A diarreia neonatal bovina causada pelo rotavírus espécie A (RVA) é uma importante causa de morbidade e mortalidade em bezerros. As cepas de RVA são classificadas de acordo com os genes VP7 e VP4 em genótipos G e P, respectivamente. Em um estudo prévio de genotipagem de cepas de campo de RVA bovino foram identificadas duas cepas com combinação genotípica G10P[5], combinação que foi identificada pela primeira vez em rebanhos bovinos brasileiros. Considerando o ineditismo dos resultados preliminares, o objetivo do presente trabalho, foi determinar a constelação genotípica dos 11 segmentos do rotavírus nas duas cepas de campo. As cepas foram identificadas em amostras fecais coletadas no Paraná em 2016 e no Mato Grosso em 2020. O material genético das amostras fecais foi extraído pela combinação de técnicas de fenol/clorofórmio/álcool isoamílico e sílica/isotiocianato de guanidina. Subsequentemente foi realizada a amplificação parcial, por reação em cadeia polimerase precedida de transcrição reversa (RT-PCR), dos genes que codificam as proteínas virais estruturais (VP1–VP3 e VP6) e não estruturais (NSP1–NSP5/6) do RVA. As sequências do VP4 e VP7 já estavam sequenciadas no estudo anterior. Os *amplicons* obtidos foram purificados e submetidos ao sequenciamento de nucleotídeos. A qualidade das sequências foi avaliada com o programa PHRED e os *contigs* montados com o software CAP3. A plataforma *Blast* foi utilizada para análise da similaridade e especificidade dos *amplicons*. As duas cepas analisadas compartilham a mesma constelação genotípica constituída pelos genótipos G10-P[5]-I2-R2-C2-M2-A3-N2-T6-E2-H3. Análises comparativas com cepas G10P[5] disponíveis no *GenBank*, revelaram que as cepas brasileiras são semelhantes com duas cepas de origem bovina descritas na Tailândia e na Turquia. Adicionalmente, as cepas bovinas G10P[5] brasileiras também compartilham a mesma constelação gênica de uma cepa suína, também identificada na Tailândia. Este resultado sugere uma possível transmissão interespecie, onde os 11 genes da cepa bovina possuem uma relação próxima com genes de cepas de RVA suína. O monitoramento molecular das cepas de RVA circulantes em populações humanas e animais é fundamental para a identificação de novos genótipos e de possíveis eventos de reassortimento genético. Estudos com este foco contribuem com a compreensão da evolução viral, a emergência de novos genótipos e a avaliação do potencial de infecção interespecie, incluindo a avaliação do potencial zoonótico de cepas emergentes.

Palavras-chave: bezerros, diarreia, rotavírose

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, INCT – Leite II (CNPq: 408.896/2024-8)

Avaliação da ocorrência de rotavírus espécies A, B e C em fezes diarreicas provenientes de leitões lactentes, Brasil, julho/2024 a junho/2025

105

Mariana da Silva Marques¹; Beatriz Martins Machado¹; Geovana Depieri Yoshitani¹; Marcos Vinicius de Oliveira¹; Mariana Previato da Silva¹; Gabriela Donini Cesário¹; Carolina Yuka Yasumitsu¹; Juliana Torres Tomazi Fritzen¹; Alice Fernandes Alfieri^{1,2}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório Multiusuário de Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: mariana.silva.marques@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A infecção por rotavírus (RV) em leitões lactentes caracteriza-se como o principal evento sanitário na maternidade. Diferentemente de outros animais de produção, onde rotavírus espécie A prevalece quase que de forma absoluta, em suínos as espécies B e C também podem ocasionar infecções entéricas com altas taxas de morbidade e de mortalidade. Na espécie suína é fundamental a realização de diagnóstico diferencial das espécies virais (RVA, RVB e RVC) em surtos de diarreias neonatais. O objetivo deste estudo, de caráter transversal, foi avaliar a ocorrência e determinar a espécie de rotavírus em surtos de diarreia em leitões lactentes. No período de julho/2024 a junho/2025 foram analisadas 277 amostras de fezes de leitões entre 1 e 28 dias de idade, provenientes das regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Para triagem foi utilizada a técnica de eletroforese em gel de poliacrilamida corado com nitrato de prata que possibilita a determinação do eletroferotipo característico de cada espécie de rotavírus. Das 277 amostras analisadas, 115 (41,5%) amostras foram identificadas como positivas pela presença de RNA fita dupla segmentado do gênero rotavírus. Quanto à espécie viral, 45 (39,1%) amostras apresentaram perfil eletroforético de RVB, enquanto 37 (32,2%) e 33 (28,7%) amostras foram classificadas como RVC e RVA, respectivamente. A frequência de episódios de diarreia foi superior (73/115; 63,5%) em leitegadas com até uma semana de idade. As outras 42 (36,5%) amostras positivas para RV foram identificadas em categorias de leitões lactentes distribuídas da segunda até a quarta semanas de vida. As espécies de RVA, RVB e RVC também foram muito mais frequentes em leitões com até uma semana que representaram 51,5%, 66,7% e 73,0% dos diagnósticos destas espécies, respectivamente. Em todo mundo, cepas vacinais de RV são compostas apenas por RVA, portanto, maior frequência de infecções por RVB e RVC, podem estar relacionadas à resposta imune gerada pela vacinação de matrizes no terço final da gestação. Uma vez que a resposta imune para rotavírus é espécie-específica, não há imunidade cruzada entre as três espécies identificadas. Este estudo evidencia a importância da monitoração da circulação do rotavírus em rebanhos suínos, destacando a inversão no perfil epidemiológico da rotavirose de infecções ocasionadas por RVA por infecções determinadas por RVB e/ou RVC.

Palavras-chave: suínos, rotavirose, diarreia neonatal, eletroferogrupo

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, Fundação Araucária

Frequência de diarreia e de diagnóstico de rotavírus espécie A em bezerros lactentes de um rebanho leiteiro da agricultura familiar

106

Geovana Depieri Yoshitani¹; André de Sá Ribeiro²; Mirella Lorusso Ferreira¹; Maria Luiza de Lima Dias¹; Juliana Torres Tomazi Fritzen¹; Elisabete Takiuchi²; Alice Fernandes Alfieri^{1,3}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,3}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Departamento de Ciências Veterinária, Universidade Federal do Paraná, Campus Palotina/PR

³Laboratório Multiusuário em Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: geovana.depieri@uel.br

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A diarreia neonatal causada pelo rotavírus bovino espécie A (BoRVA) é um problema sanitário recorrente na bovinocultura mundial. A enfermidade compromete a saúde de bezerros resultando em perdas econômicas à cadeia produtiva do leite. Este estudo, de caráter longitudinal, objetivou descrever a frequência de diarreia e a detecção de BoRVA em bezerros lactentes de um rebanho leiteiro da agricultura familiar. A propriedade, localizada no estado do Paraná, apresentava histórico de surtos de diarreia e não realizava vacinação para prevenção de diarreia neonatal. Amostras fecais (n=169) foram coletadas de 60 bezerros nos dias 7 (n=60), 14 (n=56) e 21 (n=53) após o nascimento. De acordo com a consistência, as amostras foram classificadas em diarreicas (n=60), pastosas (n=83) e normais (n=26). As amostras fecais foram submetidas à extração de ácido nucleico e analisadas pela técnica de eletroforese em gel de poliacrilamida para detecção de rotavírus. A genotipagem ocorreu por meio da amplificação parcial dos genes VP7 e VP4 pela reação em cadeia da polimerase precedida de transcrição reversa e sequenciamento dos produtos amplificados pelo método de Sanger. O BoRVA foi detectado em 46,7% (28/60) dos bezerros, sendo que nenhum dos animais foi positivo em mais de uma das idades amostradas. Sete bezerros morreram durante o experimento, sendo identificado RVA nas fezes de quatro deles. Fezes diarreicas apresentaram maior percentual de positividade para BoRVA 26,7% (16/60) do que pastosas 12% (10/83) e normais 7,7% (2/26). Quanto as idades avaliadas, animais com 7 dias de vida apresentaram 67,9% (19/28) de positividade, seguidos de 14 dias 25% (7/28) e 21 dias 7,1% (2/28). Das 28 amostras positivas, sete foram selecionadas para genotipagem. Duas combinações genotípicas, G6P[5] e G10P[11], foram identificadas nas cepas de BoRVA no rebanho avaliado. Este estudo contribuiu com a geração de informações sobre a prevalência e genótipos de RVA circulantes em um pequeno rebanho leiteiro. A produção brasileira de leite no âmbito da agricultura familiar é de grande importância econômica e social. A identificação de gargalos sanitários na atividade leiteira na agricultura familiar é fundamental para a sustentabilidade da atividade, geração de renda e contribui com a segurança alimentar e nutricional das famílias.

Palavras-chave: leite, diarreia neonatal, rotavírose, genótipo G, genótipo P

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, INCT – Leite II (CNPq: 408.896/2024-8)

Detecção de rotavírus A e picobirnavírus em bezerros diarreicos de aptidão leiteira por meio da técnica de eletroforese em gel de poliacrilamida

107

Giovanna Reichert Assunção Trindade¹; Maria Fernanda Schmitt Pereira²; Daniel Pereira Rodrigues de Lima²; Ludan Weslen Burey de Lima²; Maria Carolina Risso Milano²; Elsa Helena Walter de Santana²; Beatriz Martins Machado³; Geovana Depieri Yoshitani³; Amauri Alcindo Alfieri³; Elis Lorenzetti^{2,3}

¹Centro Universitário Filadélfia

²Universidade Anhanguera Pitágoras Unopar

³Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: giovanna.reichert@edu.unifil.br

Área de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A diarreia neonatal é um dos principais problemas que acometem bezerros lactentes, representando um grande desafio na pecuária leiteira. Em sua etiopatogenia, incluem-se vários fatores e agentes etiológicos, entre eles destacam-se os virais. Rotavírus A (RVA) pertence ao gênero *Rotavirus*, família *Sedoreoviridae*, apresenta capsídeo icosaédrico com três camadas concêntricas de proteínas, 70-90 nm de diâmetro e genoma com 11 segmentos de RNA fita dupla. Picobirnavírus (PBV) pertence à família *Picobirnaviridae*, gênero *Orthopicobirnavirus*, com 33-34 nm de diâmetro e genoma com 2 segmentos de RNA fita dupla. Em bovinos, a infecção por agentes virais, especialmente RVA, pode causar diarreia neonatal aguda e impactar os índices produtivos e econômicos do rebanho. Este estudo objetivou detectar RNA de RVA e PBV em amostras fecais de bezerros com diarreia de um rebanho leiteiro Girolando de Centenário do Sul, Paraná. O uso das amostras foi aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais da UNOPAR (nº 20/24). O rebanho apresentava 80 bovinos, sendo 35 vacas em lactação, além de 20 bezerros (machos e fêmeas) com até 60 dias de idade criados extensivamente. Os bezerros apresentavam diarreia, desidratação grave e caquexia. O rebanho não possuía protocolo vacinal para prevenção de diarreia neonatal. Amostras fecais dos bezerros foram coletadas e submetidas a extração de ácido nucleico pela associação das técnicas de fenol/clorofórmio/álcool isoamílico e sílica/isotiocianato de guanidina. Os ácidos nucleicos extraídos foram submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida a 7,5 %, seguida de impregnação por nitrato de prata, para identificar o perfil bissegmentado típico de PBV e o perfil de migração (4-2-3-2) característico de RVA. Das 20 amostras analisadas, 3 (15%) apresentaram perfil compatível com RVA, 2 (10%) com PBV e 1 (5%) coinfeção entre RVA e PBV. Os bezerros foram medicados com sulfadoxina-trimetoprim associada a piroxicam (FortgalPlus®, 10 mg/kg, IM, dose única) e solução hidroeletrólítica (Hidralac®, 50mL, VO, BID, por dois dias) e apresentaram melhora clínica significativa. Este estudo evidencia a circulação de RVA e PBV, em infecção singular e mista, em bezerros de um rebanho bovino leiteiro do Paraná. RVA é um dos principais agentes envolvidos em episódios de diarreia neonatal bovina. Entretanto, PBV não tem uma participação explícita nesta síndrome. Portanto, pesquisas são necessárias para avaliar a importância clínica da infecção de bezerros lactentes por PBV permitindo definir medidas de controle mais eficazes para reduzir as perdas econômicas.

Palavras-chave: bovinos, diarreia, EGPA, RVA, PBV

Apoio financeiro ou bolsa: CAPES, FUNADESP (55-3172/2024), INCT-Leite II (CNPq:408.896/2024-8)

Estudo transversal retrospectivo do diagnóstico de Rotavírus espécie A e Coronavírus bovino em amostras de fezes diarreicas de bezerros

Ana Carolina Takaki¹; Marcos Vinicius de Oliveira¹; Mariana Previato da Silva¹; Juliana Carolina Soares¹; Beatriz Martins Machado¹; Silvio Luis Marsiglio Minarelli¹; Gabriela Donini Cesário¹; Mariana da Silva Marques¹; Alice Fernandes Alfieri^{1,2}; Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}

¹Laboratório de Virologia Animal, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório Multiusuário de Saúde Animal, Universidade Estadual de Londrina

E-mail: ana.takaki.2510@uel.br

Área de conhecimento: Microbiologia Veterinária

A bovinocultura é uma das principais atividades econômicas agropecuárias do Brasil. Os desafios relacionados à sanidade dos rebanhos, como a diarreia neonatal bovina (DNB) ocasionada pelo rotavírus espécie A (RVA) e o coronavírus bovino (BCoV), são consideráveis e podem causar prejuízos econômicos e de produção pelo aumento das taxas de morbidade e de mortalidade, perda de peso, atraso na idade do abate ou na primeira lactação e custos adicionais indiretos, como tratamento e mão de obra. Este estudo, de caráter retrospectivo, teve como objetivo avaliar a frequência de diagnóstico de RVA e BCoV em amostras de fezes diarreicas de bezerros encaminhadas ao Laboratório de Virologia Animal/Uel no período de junho de 2023 a maio de 2025 para diagnóstico etiológico de DNB. Foram analisadas 108 amostras de fezes, provenientes de bezerros com quadro clínico de DNB, de 14 rebanhos, localizados nos estados do Paraná (89/108), Mato Grosso do Sul (8/108) e Rondônia (7/108). As amostras foram submetidas à extração de ácido nucleico por meio da técnica de sílica/isotiocianato de guanidina. A identificação de RNA de RVA foi realizada pela técnica de eletroforese em gel de poliacrilamida e a de RNA de BCoV pela reação em cadeia da polimerase precedida de transcrição reversa. Das 108 amostras, 17 (15,7%) foram positivas para RVA, sendo 82,4% (14/17) provenientes do Paraná e 17,6% (3/17) do Mato Grosso do Sul. Em relação ao BCoV, somente uma amostra foi positiva, proveniente do estado do Paraná. Tanto o RVA, quanto o BCoV são transmitidos, principalmente, por via fecal-oral, com elevada capacidade de disseminação, especialmente em situações de manejo inadequado, como falhas no manejo de colostro, alta densidade animal e ambientes úmidos e contaminados. Ressalta-se, a importância da adoção de medidas sanitárias e de biossegurança como a vacinação no rebanho, fundamental para reduzir a incidência de infecções virais. O monitoramento e diagnóstico etiológico dos episódios de DNB é imprescindível para a adoção de estratégias mais eficazes de controle e prevenção das infecções entéricas em neonatos. Essas ações contribuem com redução da probabilidade da ocorrência de infecções secundárias que agravam os sinais clínicos, impactam o bem-estar animal e o desempenho futuro dos animais.

Palavras-chave: bovinos, diarreia neonatal, rotavirose, coronavirose

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq; INCT – Leite II (CNPq: 408.896/2024-8)

Deteção de Rotavírus espécie A em amostras de fezes diarreicas de cães atendidos no Hospital Veterinário da UEL

Vinicius Rodrigues Bon¹; Michele Lunardi^{1,2}; Gabriela Donini Cesário¹; Giovana Oliveira Nunes Souza¹; Lorena Almeida¹; Juliana Carolina Soares¹; Amauri Alcindo Alfieri^{1,2}; Alice Fernandes Alfieri^{1,2}

109

¹Laboratório de Virologia Animal, Departamento de Medicina Veterinária Preventiva, Universidade Estadual de Londrina

²Laboratório Multiusuário de Saúde Animal

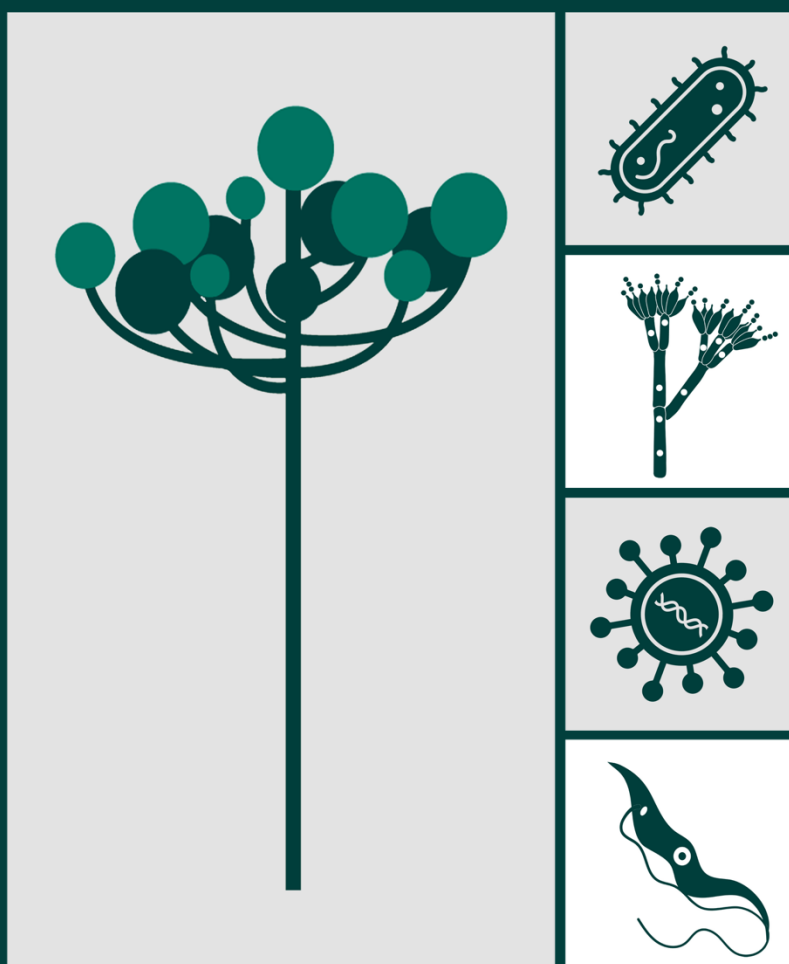
E-mail: vinicius_bon@hotmail.com

Áreas de conhecimento: Microbiologia Veterinária

O Rotavírus (RV) é reconhecido como o principal agente etiológico viral associado à ocorrência de diarreia em crianças e em diversas espécies animais. Pertencente ao gênero *Rotavirus*, da família *Sedoreoviridae*, o vírus apresenta capsídeo icosaédrico composto por três camadas concêntricas de proteínas, com diâmetro entre 70 e 90 nm, e genoma constituído por 11 segmentos de RNA fita dupla. Esses segmentos codificam seis proteínas estruturais (VP1-VP4, VP6-VP7) e seis proteínas não estruturais (NSP1-NSP5/6). São classificados em espécies, A-D e F-L, de acordo com o gene que codifica a proteína VP6. As cepas da espécie A (RVA) são classificadas em genótipos G e P de acordo com os genes que codificam as proteínas VP7 e VP4, respectivamente. Em cães, o RVA é geralmente associado a quadros leves de gastroenterite em filhotes, não sendo considerado um agente de relevância na etiologia dessa enfermidade. Relatos de infecção por RVA em cães são limitados e poucos genótipos foram descritos nessa espécie. Este estudo teve como objetivo detectar a presença de RVA em amostras diarreicas de cães atendidos no Hospital Veterinário da Universidade Estadual de Londrina, por meio da reação em cadeia da polimerase precedida de transcrição reversa (RT-PCR), bem como caracterizar os genótipos G e P de amostras positivas por meio de sequenciamento de nucleotídeo dos *amplicons*. Foram analisadas 50 amostras diarreicas provenientes de cães com idade entre 38 dias e um ano, apresentando sinais clínicos de gastroenterite. A extração do ácido nucleico das amostras fecais foi realizada por meio de uma combinação das técnicas de fenol/clorofórmio/álcool isoamílico e sílica/isotiocianato de guanidina. O ácido nucleico extraído foi submetido à RT-PCR para os genes VP4 (876pb) e VP7 (1.062pb) de RVA. O RVA foi detectado em 4 (8%) das amostras analisadas, provenientes de cães com idades variando de 38 dias à nove meses. Os *amplicons* obtidos da amostra do cão de 38 dias, foram sequenciados, sendo identificado o genótipo G3P[3]. G3P[3] é o genótipo de RVA predominante em cães, sendo detectados em diversos países, incluindo o Brasil. RV são espécie específicos, porém casos de transmissão interespecie ou ressortimentos genéticos já foram reportados. No Brasil, os dados sobre a prevalência de RVA em cães ainda são escassos e a epidemiologia molecular das cepas caninas permanece pouco elucidada, o que reforça a necessidade de estudos para compreender a diversidade genética e o real papel epidemiológico do vírus, em relação a gastroenterite dos cães.

Palavras-chave: enterite, diarreia, rotavirose, genótipo G, genótipo P

Apoio financeiro ou bolsa: CNPq, CAPES, Fundação Araucária



V CPM

CONGRESSO PARANAENSE
DE MICROBIOLOGIA

Realização:



PÓS-GRADUAÇÃO EM
MICROBIOLOGIA
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE LONDRINA



Universidade
Estadual de LONDRINA