

O EFEITO NA ABSORÇÃO DE FÓSFORO EM RUMINANTES ATRAVÉS DA ADIÇÃO DE BACILLUS SUBTILIS GENETICAMENTE MODIFICADO EM SUA DIETA.

GUSTAVO GRUTZMANN BORCHARDT¹; FÁBIO PEREIRA LEIVAS LEITE²;
ESTEFANI RINALDI²; SILVIA REGINA LEAL LADEIRA²; PATRÍCIA DA COSTA
FERREIRA²; RODRIGO CASQUERO CUNHA³

¹Universidade Federal de Pelotas - gustavo.grutzmann@ufpel.edu.br

²Universidade Federal de Pelotas – fabio_leite@ufpel.edu.br

²Universidade Federal de Pelotas – estefanirinaldi@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – sladeira@ufpel.edu.br

²Universidade Federal de Pelotas – ferreira.patricia@ufpel.edu.br

³Universidade Federal de Pelotas - rodrigo.cunha@ufpel.edu.br

1. INTRODUÇÃO

Ao longo da história, a humanidade tratou de buscar formas de aprimorar a domesticação, o manejo e o tratamento daqueles animais de interesse à comunidade, como fonte de recursos alimentares e derivados provenientes desses animais. Os ruminantes parte da cadeia produtora de carne para consumo humano, e o gado leiteiro, possuem enorme importância na produção agrícola (Cholewińska et al., 2020). Suplementos de gordura podem ser utilizados como suplementação para ruminantes, no entanto, ácidos graxos insaturados podem ter efeito negativo no crescimento microbiano (Enjalbert et al., 2017).

Sabe-se que, o microbioma residente no trato gastrointestinal, influência diretamente na produtividade dos ruminantes, e consequentemente, os commodities associados à carne e ao leite (Yan et al., 2022). O rúmen bovino apresenta uma complexa microbiota, que atua como uma câmara fermentadora anaeróbica, consistindo de aproximadamente 95% de bactérias, sendo sua principal função, a de transformar as partículas das plantas em energia, resultando em ácidos graxos voláteis para o indivíduo, o que impacta nos parâmetros fisiológicos do animal (Cholewińska et al., 2020), logo, a capacidade de metabolizar o fitato presente na dieta dos ruminantes, é atribuída aos microrganismos que habitam o rúmen (Nakashima et al., 2007).

A enzima fitase pertence a uma classe de fosfatases, que hidrolisam as ligações fosfomonodíéster do fitato, e liberam fosfato (Nakashima et al., 2007). De forma geral, as enzimas fitases são divididas em quatro categorias, sendo elas: fitase ácido histidina, fitase cisteína, fosfatase ácido roxo e fitase beta-hélice (Zhao et al., 2021). Cada fitase atua em um determinado range de pH, sendo as três primeiras citadas atuando em um pH mais ácido, enquanto a fitase beta-hélice atua em um pH mais neutro/alcalino, sendo melhor aproveitada para o estudo por ser mais próximo do pH do rúmen.

Fitases são amplamente distribuídas na natureza, encontradas em diversos organismos, como plantas, animais, e microrganismos, sendo um destes que produz a enzima, a bactéria gram-positiva *Bacillus subtilis*, sendo tal enzima estudada amplamente, por possuir características únicas e aplicabilidade em nutrição animal (Saadi et al., 2021). Logo, infere-se que microrganismos produtores

de fitase, podem ser utilizados como fontes alternativas para proporcionar o melhor aproveitamento da alimentação, podendo resultar em melhores índices nutritivos.

2. METODOLOGIA

Será realizada a coleta do líquido ruminal de um ruminante de interesse, por ruminocentese, retirando diretamente o líquido do saco ruminal, armazenado e levado para o Laboratório de Biologia Molecular Veterinária (LaBMol-Vet), onde será diluído e semeado em placas de Petri com meio Ágar Luria Bertani (LB), então será isolado *B. subtilis* e feito culturas do mesmo.

Após a identificação e sequenciamento do gene da enzima fitase escolhida (fitase beta-hélice), serão executadas técnicas moleculares para modificação da sua estrutura gênica. Tal bactéria geneticamente modificada será adicionada na ração dos ruminantes de interesse, e então irá ser avaliado o ganho de peso dos indivíduos com o grupo controle (que não receberá a ração com o *Bacillus subtilis*).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Visto que o projeto ainda se encontra em fase preparatória (revisão bibliográfica), resultados só serão obtidos após o término da pesquisa.

4. CONCLUSÕES

Os resultados dessa pesquisa visam à inovação da nutrição animal dos ruminantes de interesse econômico, utilizando microrganismos e técnicas de biologia molecular, buscando um melhoramento na absorção de fósforo, substância necessária para seu desenvolvimento, bem como uma redução nos custos da produção de rações tradicionais.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CHOLEWIŃSKA, P.; CZYŻ, K.; NOWAKOWSKI, P.; WYROSTEK, A. The microbiome of the digestive system of ruminants – a review. **Animal Health Research Reviews**, Cambridge, v.20, n.1, p.1-12, 2020.

ENJALBERT, F.; COMBES, S.; ZENED, A.; MEYNADIER, A. Rumen microbiota and dietary fat: a mutual shaping. **Journal of Applied Microbiology**, v.123, n.4, p.782-797, 2017.

IRAVANI SAADI, M.; DOOSTI, A.; JALALI, H.; ABDOLYOUSEFI, E. N.; HOOSHIYAR, M.; TABRIZI, R.; NOSHADI, E. Cloning of *Bacillus subtilis* phytase

gene construct in *Escherichia coli*. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology**, v.13, n.5, p.664-670, 2021.

NAKASHIMA, B. A.; McALLISTER, T. A.; SHARMA, R.; SELINGER, L. B. Diversity of phytases in the rumen. **Biological Sciences**, Lethbridge, v.53, n.1, p.82-88, 2007.

YAN, X.; SI, H.; ZHU, Y.; LI, S.; HAN, Y.; LIU, H.; DU, R.; POPE, P. B.; QIU, Q.; LI, Z. Integrated multi-omics of the gastrointestinal microbiome and ruminant host reveals metabolic adaptation underlying early life development. **Microbiome**, Londres, v.10, n.222, p.1-16, 2022.

ZHAO, T.; YONG, X.; ZHAO, Z.; DOLCE, V.; LI, Y.; CURCIO, R. Research status of *Bacillus* phytase. **3 Biotech**, v.11, n.415, p.1-14, 2021.