



GRUPO DE ESTUDOS EM MICROBIOLOGIA MOLECULAR (GEMM): MICRORGANISMOS ABORDADOS EM 2021

Maria Eduarda Lourenço Martins, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana;

Teresa Cristyne Brasil de Souza Cavalheiro, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana;

Eduarda Kehl Merlo, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana;

Gabriella Ribeiro Vaz da Costa, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana;

Mirela Libardi, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana;

Carolina Kist Traesel, docente, Universidade Federal do Pampa

marialourenco.aluno@unipampa.edu.br

Apesar de ter demonstrado extrema relevância nas últimas décadas, a microbiologia molecular é uma área pouco abordada nos cursos de graduação. Visando preencher essa lacuna na formação dos graduandos em Medicina Veterinária, foi criado o Grupo de Estudos em Microbiologia Molecular (GEMM), originado durante a pandemia da COVID-19 no ano de 2020. O objetivo foi promover discussões de caráter científico, voltadas à área de microbiologia molecular, contando ainda, com eventuais participações de convidados externos. O grupo recebe orientação das docentes do curso de Medicina Veterinária Carolina Kist Traesel e Paula Fonseca Finger, e conta com a participação de doze discentes, de diferentes períodos da graduação em Medicina Veterinária (2º, 5º, 6º e 7º semestres). Estes, são responsáveis por selecionar os artigos científicos que serão discutidos nas reuniões e criar as apresentações de slides. Assim sendo, o presente trabalho objetivou analisar e expor os conteúdos abordados durante as reuniões que ocorreram no ano de 2021, entre 28 de junho e 16 de setembro, focando especialmente nos microrganismos vistos, família à qual pertencem, o genoma que possuem, quais espécies animais são acometidas e o potencial zoonótico. Para tal, foi realizada a análise dos artigos sugeridos pelos alunos, com aprovação prévia das orientadoras. Os artigos eram semanalmente apresentados e discutidos entre o grupo. Durante os encontros, foram abordados tópicos como metodologias moleculares e técnicas diagnósticas, além de microrganismos, que são o foco deste trabalho. Os dados coletados dos estudos foram tabelados em uma planilha do Excel para facilitar a investigação e, posteriormente, organizados nas categorias: espécie do microrganismo, família do agente, espécie animal afetada e genoma dos vírus. Ao todo, 10 artigos foram abordados e analisados,

Maria Eduarda Lourenço Martins;
Teresa Cristyne Brasil de Souza Cavalheiro;
Eduarda Kehl Merlo;
Gabriella Ribeiro Vaz da Costa;
Mirela Libardi;
Carolina Kist Traesel.

dos quais 13 vírus e duas bactérias foram abordadas, sendo eles: Coronavírus Felino, vírus do gênero *Lyssavirus*, Adenovírus canino tipo 1, *Brucella ceti*, Vírus da Gripe Aviária, Vírus da Doença de *Newcastle*, Vírus do Nilo Ocidental, Herpesvírus, Lentivírus, *Salmonella infantis*, Vírus da Imunodeficiência Felina e SARS-CoV-2. Após organização e categorização dos dados foi possível observar que entre os vírus discutidos, 75% possuem genoma do tipo RNA e 25% possuem o genoma DNA. As principais famílias virais retratadas foram *Coronaviridae* (25%), *Adenoviridae* (16,6%) e *Retroviridae* (16,6%), sendo que as demais contam com somente uma aparição cada. A respeito das espécies acometidas pelos microorganismos, seis microorganismos estudados são responsáveis por infectar espécies silvestres (*Brucella ceti*, Vírus do Nilo Ocidental, Adenovírus, Herpesvírus e Vírus da Gripe Aviária), quatro infectam animais domésticos (coronavírus felino, gêneros *Lyssavirus*, *Lentivirus*, *Salmonella*), sendo que três destes (Vírus da Doença de Newcastle, Herpesvírus e Adenovírus), ocorrem tanto em animais domésticos quanto silvestres, e um de ocorrência em humanos (SARS-CoV-2). Ainda, de todos os microorganismos abordados, três agentes possuem potencial zoonótico (*Lyssavirus*, *Salmonella infantis* e *Brucella ceti*). A partir da análise dos resultados obtidos, foi possível observar que a maioria dos vírus estudados apresenta o genoma RNA, demonstrando maior curiosidade dos integrantes por vírus que contêm esse material genético. Vírus com esse tipo de genoma como material genético possuem características de maior probabilidade de mutações, o que torna possível a origem de variantes e problemas maiores relacionados a sua transmissão. Além disso, também foi possível identificar que as espécies mais afetadas são de animais silvestres e que um baixo número dos microorganismos já estudados possuem caráter zoonótico (três dos 12 vírus e ambas as bactérias). Por fim, podemos destacar a relevância do GEMM em construir o conhecimento acerca de microorganismos importantes em Medicina Veterinária, agregando ao conhecimento adquirido pelos discentes durante a graduação.

Agradecimentos: UNIPAMPA, docentes Paula Fonseca Finger e Carolina Kist Traesel, SIEPE, integrantes do grupo.

Palavras-chave: Grupo de estudos; Microorganismos; Vírus; Bactérias; Microbiologia Molecular.