

INFECÇÃO POR *MYCOBACTERIUM BOVIS* EM UM CATETO (*TAYASSU TAJACU*): PERCEPÇÕES SOBRE RESERVATÓRIOS SILVESTRES DE TUBERCULOSE

André Vinícius Andrade Bezerra¹, Cristine Cerva², Márcia Regina Loiko³, Mário Coppola², Fabiana Quos Mayer², Angélica Cavalheiro Bertagnolli²(orient.)

¹Bolsista Probic/Fapergs, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduando Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ²Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul; ⁴Bolsista de Desenvolvimento Tecnológico Industrial pelo CNPq – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

E-mail: angelbertagnolli@gmail.com

A tuberculose bovina é uma doença zoonótica emergente de importância socioeconômica causada pelo *Mycobacterium bovis*. Animais silvestres representam fontes de infecção e manutenção do *M. Bovis* no ambiente, entretanto, poucos estudos no Brasil buscam elucidar quais animais possuem este papel. Neste trabalho o *M. Bovis* foi identificado como agente causador da morte de um cateto (*Tayassu tajacu*) no Rio Grande do Sul. Os sinais clínicos do animal eram compatíveis com tuberculose. Na necropsia, os pulmões apresentaram lesões caseosas. O isolamento bacteriano foi realizado através da inoculação da amostra em meio Löwenstein-Jensen e Stonebrink após descontaminação pelo método de Petroff. Após 4 semanas, colônias características de *Mycobacterium* foram isoladas. A análise histopatológica indicou pneumonia granulomatosa com necrose caseosa, ilhas de mineralização, presença de macrófagos epitelióides e células gigantes multinucleadas, além de aglomerados linfocitários. Para análise molecular, o DNA dos pulmões foi extraído com fenol-clorofórmio e os oligonucleotídeos (BoF 5' CCTTCCGCACACCGTTCAG 3' e BoR 5' CATCAGTGGGGACGCTACTACG 3') foram projetados para amplificar especificamente o genoma *M. bovis*. A amostra foi positiva e o produto de PCR sequenciado, confirmando a identidade de 100% com genoma de *M. bovis*. A especificidade da PCR foi feita por análise no Primer-BLAST[®] e PCR para outras cepas de *Mycobacterium* e a sensibilidade determinada por clonagem do fragmento amplificado. A técnica foi capaz de detectar 10 moléculas de DNA de *M. Bovis*. Este estudo mostra a presença de tuberculose de *M.bovis* em uma espécie silvestre que tem sido criada em cativeiro para fins comerciais, o que levanta a preocupação não apenas em relação à sanidade da espécie, mas também à saúde humana. No Brasil, poucos estudos relacionados a reservatórios silvestres de *Mycobacterium bovis*, foram realizados, evidenciando a necessidade de entender o papel destes animais na transmissão e manutenção da doença.

Apoio: Financiadora de Estudos e Projetos (FINEP) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS)

SOROPREVALÊNCIA DE *Theileria equi* EM EQUINOS DO MUNICÍPIO DE PASSO FUNDO, RS

Bruno Dall'Agnol¹, Stéfano Leite Dau², Ugo Araújo³, Maria Isabel Botelho Vieira⁴, Rogério Oliveira Rodrigues⁵, José Reck Júnior⁵ (Orient.)

¹Bolsista Fapergs, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduando em Medicina Veterinária - Universidade de Passo Fundo (UPF); ²Residente em Clínica Médica de Equinos, Universidade de Passo Fundo (UPF) – Passo Fundo; ³Mestrando, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) – Porto Alegre; ⁴Professora do curso de Medicina Veterinária - Universidade de Passo Fundo (UPF) – Passo Fundo; ⁵Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul

E-mail: bruno-dallagnol@hotmail.com, jose.reck@gmail.com.

Theileria equi é um protozoário do filo Apicomplexa que infecta linfócitos e eritrócitos. Este hemoparasito, juntamente com *Babesia caballi*, são os causadores da piroplasmose equina, considerada uma das mais importantes doenças de equinos em áreas tropicais e subtropicais. Carrapatos *Dermacentor (Anocentor) nitens* são os vetores de *B. caballi* e, no Brasil, o *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* é considerado provável vetor de *T. equi*. A manifestação clínica inclui febre, anemia, icterícia, letargia, e em alguns casos, morte. Países livres da doença como Estados Unidos, Canadá, Japão, Austrália e Nova Zelândia mantêm restrições quanto à importação de equinos. Geralmente requerem testes sorológicos a fim de identificar os animais soropositivos, cujo movimento é restringido. Segundo a Organização Mundial de Epizootias (OIE) os testes sorológicos recomendados para o trânsito internacional de animais são o Ensaio Imunoenzimático (ELISA) e a Imunofluorescência Indireta (IFA). O presente trabalho teve como objetivo avaliar a soroprevalência de *T. equi* no município de Passo Fundo, RS. Para o cálculo amostral foram utilizados os dados da população total de equinos do município, fornecidos pela Inspeção Veterinária local. A amostragem mínima calculada foi de 148 animais. Foram coletadas amostras de 160 animais de diferentes raças e sistemas de manejo, desde animais de tração até reprodutores em haras. Amostras de 4 mL de sangue foram colhidas e para obtenção do soro, estas foram centrifugadas a 2000 rpm por 5 minutos, e posteriormente armazenados à -20°C até o momento do teste. Para determinação dos equinos positivos para anticorpos contra *T. equi* foi utilizado um teste comercial de cELISA (ELISA de competição). Das 160 amostras testadas, 74 (46,25%, IC95% 40,3-52,2) apresentaram resultado positivo. Estudos prévios indicaram um valor médio de 31,6% de equinos positivos para *T. equi* na Região Norte do Rio Grande do Sul, por ELISA. Nesse contexto, o município de Passo Fundo parece apresentar uma soroprevalência para *T. equi* mais elevada que outras cidades da região. Este resultado serve como alerta aos produtores e técnicos da região e demanda a necessidade de investigação de fatores de risco associados à enfermidade e formas de transmissão da doença. Visto as características das propriedades visitadas, provavelmente, a ausência de uma estratégia de controle deste hemoparasito e de seu vetor deve contribuir com este quadro. Além da ampliação da caracterização epidemiológica da enfermidade na região, a padronização de uma técnica para detecção molecular direta do agente também é uma perspectiva.

DIFERENCIAÇÃO ENTRE OS SUBTIPOS DE HERPESVÍRUS BOVINO TIPO 5 POR AMPLIFICAÇÃO DE UM FRAGMENTO DO GENE *UL27*

Felipe Fontoura¹, Gustavo Strelczuk², Fabrício Campos³, Paulo Roehe⁴(orient)

¹Bolsista Probioc/Fapergs, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduando em Biomedicina - Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre (UFCSPA);

²Bolsista Probioc/UFRGS, Instituto de Ciências Básicas da Saúde – Porto Alegre, Graduando em Ciências Veterinárias – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ³Bolsista CAPES, Instituto de Ciências Básicas da Saúde – Porto Alegre, Doutorando em Ciências Veterinárias - Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ⁴Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul;

E-mail: felipe.elsbao@yahoo.com.br, proehe@gmail.com

O herpesvírus bovino tipo 5 (BoHV-5) é um alfa herpesvírus associado a meningo-encefalites de curso geralmente fatal em bovinos. Previamente classificado como um subtipo do herpesvírus bovino tipo 1 (BoHV-1), o BoHV-5 foi reclassificado com base em características biológicas e genômicas que o distinguem dos isolados respiratórios e genitais do BoHV-1. Surtos de meningo-encefalite pelo BoHV-5 têm sido frequentemente descritos, principalmente no Brasil e Argentina. Os sinais clínicos da enfermidade incluem tremores, andar em círculos, incoordenação, nistagmo, bruxismo, ataxia, convulsões e depressão profunda seguida de morte. As amostras de BoHV-5 são subdivididas em três subtipos, a, b e c. Até o momento, não existe uma associação conhecida entre patogenicidade e subtipos de BoHV-5. Entretanto, essa subdivisão é importante para que possa ser ampliado o conhecimento sobre o comportamento de diferentes subtipos do vírus em sua interrelação com o hospedeiro. Para isso, é necessário que sejam construídos instrumentos que permitam efetuar a subtipificação de amostras com praticidade. Este trabalho tem como objetivo analisar um fragmento do gene *UL27* que em estudos prévios revelou um “hot spot” em algumas amostras de BoHV-5 e avaliar seu potencial para permitir a discriminação entre subtipos. Os isolados de BoHV-5 utilizados no trabalho foram provenientes do banco de amostras do Laboratório de Virologia da UFRGS e IPVDF. A multiplicação das amostras de vírus foi realizada utilizando células da linhagem de rim de bovino “CRIB”. A extração de DNA foi feita com fenol seguindo protocolos usuais. A padronização da reação em cadeia da polimerase (PCR) foi realizada utilizando amostras de BoHV-5 anteriormente caracterizadas. Após a padronização, todas as amostras foram amplificadas e os produtos de PCR, com o fragmento de tamanho esperado (549 pares de base) foram clonados e sequenciados. A presença do “hot spot” foi confirmada nas amostras dos subtipos a e c; as amostras do subtipo b não apresentaram tal sítio. Até o momento, nove de dez amostras analisadas foram classificadas nos subtipos “a” ou “c”, apenas uma foi classificada como pertencente ao subtipo “b”. Estudos com base em outras regiões do genoma serão a seguir realizados buscando a diferenciação entre os subtipos “a” e “c”.

(Apoio: FAPERGS, FINEP & CNPq)

PESQUISA DE GENOMAS DE POLIOMAVÍRUS JC EM ISOLADOS DE ACANTHAMOEBA SPP.

Marcos Iuri Roos Kulmann¹; Thalita Souza Arantes²; Karin Silva Caumo³; Juliana Comerlato²; Ana Cláudia Franco⁴; Paulo Michel Roehé⁵ (orient.)

¹Bolsista BIC/UFRGS, Laboratório de Virologia – Porto Alegre, Graduando em Biomedicina – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ²Aluno de pós-graduação, Laboratório de Virologia – Porto Alegre, Mestrando em Microbiologia Agrícola e do Ambiente - Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ³Aluno de pós-graduação, Laboratório de Parasitologia – Porto Alegre, Doutorando em Microbiologia Agrícola e do Ambiente - Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ⁴Pesquisador colaborador Instituto de Pesquisa Veterinária Desidério Finamor (Fepagro) – Eldorado do Sul, Professor Adjunto Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) – Porto Alegre; ⁵Pesquisador Instituto de Pesquisa Veterinária Desidério Finamor (Fepagro) – Eldorado do Sul, Professor Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) – Porto Alegre
marcoskulmann@hotmail.com, proeh@gmail.com

Os poliomavírus BK (BKV) e JC (JCV) são vírus com genoma de DNA de dupla fita circular, não-envelopados, classificados no gênero *Polyomavirus*, família *Polyomaviridae*. Estes vírus, normalmente apatogênicos para hospedeiros hígidos, são provavelmente transmitidos entre humanos por via urino-oral. A infecção por JCV atinge principalmente células sanguíneas mononucleares; fatores que levam à imunossupressão possivelmente induzem reativação de JCV, podendo resultar em leucoencefalopatia multifocal progressiva (PML). Além disso, o JCV tem apresentado associação com tumores gliais. Este vírus também tem sido avaliado como marcador de poluição cloacal e contaminação por esgoto residencial. Estudos relatam a veiculação de diferentes patógenos, tais como fungos, bactérias e vírus através de amebas do gênero *Acanthamoeba*, pertencentes à família *Acanthamoebidae*, grupo *Amoebozoa*. Espécies desse gênero são de vida livre e apresentam caráter ubíquo, sendo encontradas no ar, solo e ambientes aquáticos; são resistentes à desinfecção, processos de cloração e temperaturas extremas. O objetivo deste trabalho foi investigar a presença de JCV em isolados de *Acanthamoeba* spp. provenientes de amostras ambientais. Para tal, foram utilizados 50 isolados do gênero *Acanthamoeba*, morfológicamente caracterizados, oriundos de piscinas, poeira hospitalar e estojos de lentes de contato. Aproximadamente 10⁶ trofozoítos de cada isolado foram submetidos à extração de DNA e, posteriormente, à detecção de DNA viral por nested-PCR. Os *primers* externos, BJ2 F (5'- AACATTTTCYCCTCCTG -3') e BJ1 R (5'- TATTGCMCCAGGAGGT -3'), correspondentes à primeira PCR, amplificam parte do gene VP1 e antígeno-T de BKV e JCV. Os *primers* internos, JLP16 (5'- TAAAGCCTCCCCCAACAGAAA -3') e JLP15 (5'- ACAGTGTGGCCAGAATTCCACTACC -3'), tem como alvo um fragmento localizado nessa região, que é menor e exclusivo do genoma de JCV, gerando um amplicon de 215pb. Dos 50 isolados analisados até o presente momento, 20% (10/50) amplificaram um fragmento do tamanho esperado para a região genômica de JCV que é alvo dos *primers*. Futuramente, mais isolados serão testados e os amplicons obtidos, sequenciados. Este estudo sugere que espécies do gênero *Acanthamoeba* são capazes de abrigar o JCV. É possível que tais amebas possam promover a veiculação de vírus devido à sua capacidade de disseminação e resistência em diferentes ambientes. Mais estudos são necessários para examinar tais hipóteses.

(Apoio: Finep/Capes/Cnpq)

COMPARAÇÃO DE TÉCNICAS MOLECULARES DE DIAGNÓSTICO DA SÍNDROME DA MANCHA BRANCA EM CAMARÕES MARINHOS

Raíssa Nunes dos Santos^{1,2}, Candice Schmidt², Samuel Cibulski², Ana Paula Mutterle², Paulo Michel Roehe², Lissandra Souto Cavalli² (orient.)

¹Faculdade de Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia, UERGS; ²FEPAGRO Saúde Animal - Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor.

E-mail: raissaeng@me.com, liscavalli@gmail.com

A síndrome da macha branca é uma enfermidade causada por um vírus de DNA dupla fita, *White spot syndrome virus* (WSSV), pertencente à família *Nimaviridae*, gênero *Whispovirus*. O vírus infecta camarões marinhos, principalmente as espécies *Penaeus monodon* e *Litopenaeus vannamei*. A enfermidade caracteriza-se por alta e rápida mortalidade podendo não haver manifestações clínicas da ocorrência de manchas brancas, redução no consumo de alimentos e letargia. Os testes de diagnóstico para WSSV são baseados principalmente em provas de identificação de genomas e histopatologia. O objetivo deste estudo é a comparação de dois testes de diagnósticos baseados na reação em cadeia da polimerase (PCR). Uma *nested*-PCR padrão, recomendada pela OIE, foi comparada com a técnica de PCR em tempo real (qPCR) para identificação de WSSV. O DNA foi extraído de 20 amostras de camarões coletados em Rio Grande (RS) e Laguna (SC), locais onde já havia histórico de ocorrência da doença. A *nested*-PCR foi realizada como descrito por Lo *et al* (1996). A qPCR foi projetada para amplificar um fragmento de 69 pb com base no genoma completo do WSSV (GenBank U50923). A reação foi realizada no *StepOne Real-Time PCR System* (Life Technologies) com a SYBR[®] *Green Real-Time PCR Master Mix*. A Todas as amostras deram origens a amplicons do tamanho esperado na *nested*-PCR. Entretanto, o mesmo não ocorreu na qPCR, na qual três amostras foram negativas. A sensibilidade desta foi calculada e estimada em 85%, utilizando-se a planilha *Dag Stat*. A técnica de *nested*-PCR apresenta algumas desvantagens em relação à técnica de qPCR, como alto risco de contaminação e maior intervalo de tempo. Assim, torna-se importante a padronização de uma metodologia rápida com elevada sensibilidade e especificidade. Este estudo encontra-se em fase inicial e os parâmetros de especificidade e índice *kappa* serão recalculados sobre uma amostragem mais significativa.

Apoio: CNPq, Fapergs

FREQUÊNCIA PARA LEPTOSPIROSE CANINA NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL DE 1996 A 2011

Tanisia Martins Avila¹, Marilise Oliveira Mesquita², Luis Gustavo Corbellini² e Rogerio Oliveira Rodrigues¹(Orient.)

¹Bolsista FDRH, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduando em Ciências Biológicas – Centro Universitário UniLaSalle; ²Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul

tanisia.avila@gmail.com, rogerio-rodrigues@fepagro.rs.gov.br

A leptospirose é considerada uma das principais doenças zoonóticas que atingem o ambiente, com distribuição geográfica fortemente relacionada às questões ambientais e ao processo de urbanização das cidades. Animais que vivem em áreas urbanas sob precárias condições sanitárias e de infraestrutura, se constituem particularmente em população de risco. Foi realizado um estudo retrospectivo de dados secundários nos resultados de exames sorológicos para leptospirose em 5.213 amostras de sangue canino, enviadas para o Laboratório de Microbiologia do Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor (IPVDF-FEPAGRO Saúde Animal), localizado na região Metropolitana do Rio Grande do Sul, no período de 1996 a 2011. As amostras foram provenientes de vários municípios do interior do RS e da região metropolitana, que foram classificadas segundo a mesorregião do estado: Centro Ocidental Rio-grandense (2 amostras); Centro Oriental Rio-grandense (194 amostras); Metropolitana de Porto Alegre (3.488 amostras); Nordeste Rio-grandense (61 amostras); Noroeste Rio-grandense (761 amostras); Sudoeste Rio-grandense (707 amostras). A técnica utilizada pelo laboratório de Leptospirose do IPVDF é a Soroaglutinação Microscópica (SAM), sendo utilizado no diagnóstico 13 sorovares de *Leptospira*: *L. australis* (Ballico), *L. autumnalis* (Akiyami A), *L. bratislava* (Jez Bratislava), *L. canicola* (Hond utrecht), *L. copenhageni* (M 20), *L. grippityphosa* (Moska V), *L. hardjo* (Hardjoprajitno), *L. hebdomadis* (Hebdomadis), *L.icteroahemorrhagiae* (RGA), *L. pyrogenes* (Salinem), *L. pomona* (Pomona), *L.tarassovi* (Perepelitsin) e *L. wolffi* (3705). Das 5.213 amostras de caninos recebidas ao longo de 14 anos, 2.503 foram positivas para pelo menos uma sorovariedade das 13 analisadas (48,61%). A soropositividade relativa para cada uma das 13 sorovarietades testadas nas amostras recebidas foram: *L. Australis* (3%), *L. Autumnalis* (5,49%), *L. Bratislava* (11,14%), *L. Canicola* (13,98%), *L. copenhageni* (16,42%), *L. grippityphosa* (5,36%), *L. hardjo* (5,49%), *L. hebdomadis* (3,0%), *L. icterohemorrhagiae* (12,72%), *L. pyrogenes* (5,82%), *L. pomona* (7,15%), *L. tarassovi* (5,41%) e *L. Wolffi* (3,87%). Os resultados indicam a maior frequência respectivamente para as sorovares *Copenhageni*, *Canicola*, *Icterohemorrhagiae* e *Bratislava*.

(Apoio: FDRH)

IDENTIFICAÇÃO NOS PONTOS DE CONTAMINAÇÃO DO LEITE EM PROPRIEDADES DE AGRICULTURA FAMILIAR LOCALIZADAS NO RIO GRANDE DO SUL

Emily Marques dos Reis¹, André Vinícius Andrade Bezerra², Carolina Bremm³, Márcia Loiko⁴, Fabiana Quoos Mayer⁵, Cristine Cerva⁵(orient.)

¹Bolsista IC/ CNPq, Fepagro Saúde Animal- Eldorado do Sul, Graduanda em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ²Bolsista Probic/ FAPERGS, Fepagro Saúde Animal- Eldorado do Sul, Graduando em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ³Pesquisadora, Fepagro – Porto Alegre; ⁴Bolsista de Desenvolvimento Tecnológico Industrial pelo CNPq – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ⁵Pesquisadoras, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul

E-mail: emily_lp@hotmail.com, cristine-cerva@fepagro.rs.gov.br.

O leite, devido à sua riqueza nutritiva, constitui um potencial meio de cultura para o desenvolvimento de diversos microrganismos, sendo muitas vezes veículo de transmissão de doenças para o homem. Dentre os microrganismos presentes no leite *in natura* e responsáveis por provocar surtos de infecção alimentar estão: *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp., *Escherichia coli* e *Campylobacter jejuni*. O objetivo do estudo foi detectar a presença destas bactérias em propriedades de agricultura familiar do Estado do Rio Grande do Sul. Foram coletadas 548 amostras de leite em dois municípios da região Sul (Santa Vitória do Palmar e São Lourenço do Sul) e cinco municípios da região Noroeste do Estado (Barra do Guarita, Derrubadas, Miraguá, Tenente Portela e Vista Gaúcha). O DNA foi extraído por protocolo de fenol-clorofórmio, e a identificação molecular foi realizada por PCR Multiplex (uma reação para detectar *E. coli* e *Salmonella* spp. e outra para detectar *C. jejuni* e *L. monocytogenes*). Para verificar a viabilidade do DNA, foi realizada PCR para Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase (GAPDH), gene conservado entre os mamíferos. Dentre as amostras coletadas, 25 foram negativas para GAPDH (4,5% de inibição). Das 523 amostras analisadas, 147 foram positivas para a presença de pelo menos um dos patógenos (27,89%). A análise estatística foi realizada no programa JMP, utilizando o teste qui-quadrado (diferença estatística quando $p < 0,05$). Os resultados mostram maior índice de contaminação das amostras no Noroeste gaúcho. *Samonella* spp. foi a bactéria encontrada com maior frequência nas duas regiões. A contaminação por *Campylobacter jejuni* foi maior em amostras de resfriadores do que amostras de animais, indicando que a contaminação por esta bactéria se deve à manipulação pelo homem. O presente estudo é pioneiro em identificar, através de biologia molecular, focos de contaminação por estes patógenos em leites no Rio Grande do Sul. Além disso, ele é de fundamental importância para elaboração de procedimentos que visem à redução dos riscos de contaminação do produto em propriedades leiteiras de agricultura familiar.

Apoio : (CNPq)

CARACTERIZAÇÃO DA PRODUÇÃO DA PECUÁRIA LEITEIRA DA REGIÃO DA GRANDE SANTA ROSA

Felipe Eich¹, Guilherme Mombach², Alexander Cenci³, Maurício Dasso³, Goreti R. Reis⁴ e Coralia M. O. Medeiros⁵ (orient.)

¹Estagiário Fepagro/FDRH, Fepagro Noroeste – Santa Rosa, Acadêmico de Bacharelado em Agronomia - Sociedade Educacional Três de Maio (SETREM); ²Pesquisador Voluntário, Fepagro Noroeste – Santa Rosa, Zootecnista; ³Pesquisador, Fepagro Saúde Animal - Eldorado do Sul; ⁴Pesquisadora, Fepagro Sede – Porto Alegre; ⁵Pesquisador, Fepagro Noroeste - Santa Rosa

E-mail: felipe.eich@hotmail.com, coralia-medeiros@fepagro.rs.gov.br

A microrregião de Santa Rosa é ruralmente caracterizada pela predominância da agricultura familiar, sendo o leite um dos importantes produtos dessa atividade. Segundo dados de cooperativas atuantes na região, 60 a 85% das propriedades que comercializam leite produzem até 50 L/dia, contribuindo, respectivamente, com 16 e 42% da produção arrecadada. Um estudo foi efetuado com o objetivo de avaliar a situação produtiva e manejo de propriedades produtoras de leite da microrregião de Grande Santa Rosa. Vinte e quatro produtores de leite responderam a uma entrevista cujo roteiro semi-estruturado abordou temas relacionados à produção e manejo. Os dados obtidos das respostas foram submetidos à análise descritiva, como média e frequência das observações por propriedade e no total das propriedades amostradas. A produção média mensal de 3.980 L de leite no inverno é 40% maior que a produção no verão. Os dados de produção e de número de vacas em lactação permitem calcular uma produtividade variável de 3 – 20 L/dia/vaca. A inseminação artificial é usada por 52% dos produtores como forma de reprodução exclusiva, enquanto outros 34% a associam com o uso de touro e 13% usam somente o touro. Menos de 30% dos produtores fazem a escolha do sêmen a ser usado, e os motivos de escolha mais frequentes são o preço ou aumento da produção de leite. A observação de cio é feita por 50% dos produtores enquanto os animais estão sendo manejados, num período inferior a 20 minutos, sendo que 21% desses relatam como sinal de cio a vaca montar sobre outras. Esses produtores estão em risco de serem excluídos do mercado devido à falta de escala de produção, embora para muitos desses haja condições para aumento da produção no aumento da produtividade. A sazonalidade de produção, a baixa produtividade e o manejo reprodutivo são temas que devem ser trabalhados com os produtores e podem contribuir para um aumento na produção.

(Apoio: Fepagro)

ANÁLISE DA PATOGENICIDADE DE ISOLADOS DE *ESCHERICHIA COLI* PRESENTES EM CAMAS DE AVES

Heloísa Giacomelli Ribeiro¹, Leticia da Fontoura Xavier Costa¹, Fabrine Finkler², Aline Luísa de Oliveira², Kelly Cristina Tagliari de Brito³ e Benito Guimarães de Brito³(orient.).

¹Bolsista ITI/CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduanda em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ²Bolsista DTI/CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul; ³Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul;

E-mail: helogiacomelli@hotmail.com; benitobrito@gmail.com.

A *Escherichia coli* faz parte da microbiota normal das aves, estando presente no trato intestinal e respiratório. É um patógeno responsável por causar celulite em aves resultando em prejuízos econômicos ao setor avícola. Portanto, é necessário aperfeiçoar o processo de produção por meio de melhoramentos dos aspectos sanitários. Este trabalho tem como objetivos detectar amostras de *Escherichia coli* patogênica para aves (APEC) em camas de frango de corte e determinar o grau de virulência das cepas. O estudo envolveu a análise de 26 camas de criações de frangos do Rio Grande do Sul. As amostras bacterianas, isoladas em ágar MacConkey, foram submetidas a teste de letalidade em pintos, onde foi possível observar as lesões causadas pelas mesmas. Realizou-se a inoculação via intraperitoneal de 0,1mL de suspensão bacteriana, em uma concentração equivalente a 0,5 da escala de MacFarland, em 10 pintos com um dia de idade para cada amostra de *Escherichia coli*. Após a inoculação as aves foram observadas por cinco dias consecutivos, sendo o grau de patogenicidade bacteriana classificado de acordo com a taxa de mortalidade das aves, tendo em vista que os cálculos basearam-se nos resultados finais sem levar em consideração o dia de morte de cada ave. Os resultados obtidos foram: 53,8% das amostras apresentaram apatogenicidade, 42,3% baixa patogenicidade, 3,8% patogenicidade intermediária e 0% alta patogenicidade; quanto às lesões 0,8% apresentaram pericardite, 1,6% perihepatite, 13,8% aerossaculite, 3,1% peritonite e 52,3% celulite. Ao analisar os resultados obtidos pode-se observar que as cepas inoculadas nas aves não possuíam características letais, porém, apresentaram um potencial de virulência considerável ao causar celulite aviária em um pouco mais da metade da população de frangos, principalmente no local onde ocorreu a inoculação, demonstrando assim que a *Escherichia coli* pode ser considerada um dos agentes atuantes na diminuição da produção industrial. Por fim, concluiu-se que as cepas bacterianas, de origem fecal, testadas, em geral, demonstraram-se apatogênicas ou com baixo grau de patogenicidade, possuindo também baixa capacidade de causar colissepticemia.

(Apoio: FINEP e CNPq-Programa Rhae)

CARACTERIZAÇÃO DA SANIDADE ANIMAL NA PECUÁRIA LEITEIRA DA REGIÃO GRANDE SANTA ROSA

Maiquel Wagner¹, Laura Lopes de Almeida², José Reck Jr.², Alexandre Braga², Rogério Oliveira Rodrigues² e Coralia M. O. Medeiros³ (orient.)

¹Estagiário Fepagro/FDRH, Fepagro Noroeste – Santa Rosa, Graduando em Gestão em Agronegócio – Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul (UNIJUÍ); ²Pesquisador(a), Fepagro Saúde Animal - Eldorado do Sul; ³Pesquisadora, Fepagro Noroeste - Santa Rosa

E-mail: maiquelwagner@hotmail.com, coralia-medeiros@fepagro.rs.gov.br

A região de concentração de produção de leite no RS é a mesorregião Noroeste, onde está situada a região da Grande Santa Rosa. A maior parte da produção é feita em pequenas propriedades, que se mantêm na atividade devido à associação para comercialização através de cooperativas. Um estudo foi efetuado para avaliar a frequência de doenças infecto-contagiosas em animais de rebanho leiteiro, com enfoque nas doenças que podem ocasionar transtornos reprodutivos. Vacas em idade reprodutiva de vinte e três propriedades foram avaliadas sorologicamente, tendo sido levantados dados individuais desses animais. A representatividade numérica dos animais amostrados foi em média (escala) de 60% (100%-32%) para a categoria no rebanho leiteiro, o que representa 47% (100%-16%) para o rebanho bovino total. Dados inquisitivos de vacinação dos rebanhos indicam que vacinações efetuadas nas propriedades são: aftosa (100%), brucelose (78%), IBR/BVD (30%), leptospirose (39%) e carbúnculo hemático (35%). Exames sorológicos para detecção de anticorpos para Leucose enzoótica bovina, *Neospora caninum*, Herpesvirus bovino-1 (BoHV-1) e dezessete sorovares de *Leptospira interrogans* foram executados e os resultados foram avaliados para frequência de animais em rebanhos soropositivos. Leucose estava presente em 17% dos rebanhos, e nesses, em 9% a 67% dos animais. Reação soropositiva para *N. caninum* foi detectada em 78% dos rebanhos, e 29% dos animais avaliados. Avaliações foram efetuadas em separado para animais que apresentaram ou não algum tipo de problema reprodutivo (aborto, retorno ao cio, cio irregular). Para *N. caninum* foi verificado que entre os animais com problemas reprodutivos, 44% foram positivos, enquanto somente 19% o foram para animais sem esses problemas. Para BoHV-1, observou-se soropositividade entre animais vacinados, de 84% quando apresentaram problemas reprodutivos e 92% sem problemas reprodutivos, enquanto que entre animais não vacinados esses índices foram de 17% e 13%, respectivamente. De maneira similar, soropositividade para algum sorovar de *L. interrogans* foi verificada em 52% e 57% dos animais vacinados e em 34% e 29% dos não vacinados, respectivamente quando apresentaram ou não algum problema reprodutivo. Uma sorovariente de *L. interrogans* (Szwa.) esteve presente em 7,3% dos animais não vacinados que apresentaram algum problema reprodutivo, enquanto nos animais sem problemas, o índice foi de 1,5%, considerando animais vacinados e não vacinados. Sugere-se um maior aprofundamento em estudos que avaliem a contribuição dos diferentes sorovares de *L. interrogans* e de *N. caninum* para o estabelecimento de problemas reprodutivos.

(Apoio: Fepagro/Finep)

CARACTERIZAÇÃO SÓCIO-ECONÔMICA-AMBIENTAL DA PECUÁRIA LEITEIRA DA REGIÃO DA GRANDE SANTA ROSA

Rafaela Lawisch Braga¹, Maiquel Wagner², Alexander Cenci³, Maurício Dasso³, Goreti R. Reis⁴ e Coralia M. O. Medeiros⁵ (orient.)

¹Bolsista Probiç/Fapergs, Fepagro Noroeste – Santa Rosa, Acadêmica de Bacharelado em Agronomia - Sociedade Educacional Três de Maio (SETREM); ²Estagiário Fepagro/FDRH, Fepagro Noroeste – Santa Rosa, Graduando em Gestão em Agronegócio – Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul (UNIJUÍ); ³Pesquisador, Fepagro Saúde Animal - Eldorado do Sul; ⁴Pesquisador, Fepagro Sede – Porto Alegre; ⁵Pesquisador, Fepagro Noroeste - Santa Rosa

E-mail: rafaela.braga365@hotmail.com, coralia-medeiros@fepagro.rs.gov.br

A pecuária leiteira no País e no Estado tem grande importância econômica e social, visto que a atividade participa na formação da renda de grande número de produtores, além de ser responsável por elevada absorção de mão-de-obra rural, na sua maioria da agricultura familiar. A região de concentração de produção de leite no RS é a mesorregião Noroeste, onde está situada a microrregião Santa Rosa. Os estabelecimentos rurais são 93% da agricultura familiar, sendo que 90% possuem área inferior a 50 ha. Para conhecer melhor a região e as condições de produção, foi efetuado um estudo através do qual foi avaliada a situação sócio-ambiental de propriedades produtoras de leite da região da Grande Santa Rosa. Vinte e quatro produtores de leite responderam a uma entrevista cujo roteiro semi-estruturado abordou temas relacionados à propriedade (condições ambientais, sociais e econômicas). Os dados obtidos das respostas foram submetidos à análise descritiva, como média e frequência das observações por propriedade e no total das propriedades amostradas. A área média das propriedades foi de 23 ha, sendo todas maior de 5 ha. Um número significativo dessas propriedades (50%) apresentou fragmentação territorial espacial e/ou de posse. A produção de leite é a atividade mais rentável em 75% das propriedades, enquanto nas demais é a produção de soja (13%), fumo (8%) e fruticultura (4%). A produção de soja, milho, trigo, fumo e pecuária de corte estão presentes em 75%, 38%, 13%, 13% e 25%, respectivamente, das propriedades. Três atividades rentáveis, no mínimo, estão presentes em 54% das propriedades. Trabalhos que visem aumentar a produtividade da pecuária de leite em propriedades com áreas abaixo de 20 ha devem ser efetuados para manter a fonte de renda desses produtores.

(Apoio: Fepagro)

PERSISTÊNCIA DA INFECÇÃO POR *Anaplasma marginale* APÓS TRATAMENTO COM TETRACICLINA EM BOVINOS EXPERIMENTALMENTE INFECTADOS

Ramon Scheffer¹, Ugo Araújo Souza², Anelise Webster², João Ricardo Martins³, Guilherme Klafke³, José Reck (orient.)³

¹Bolsista Fapergs, Fepagro Saúde Animal - Eldorado do Sul, Graduando em Medicina veterinária – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ²Mestrando – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ³Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul;

E-mail: ramon.scheffer@hotmail.com, josereck@gmail.com

A anaplasmosose, doença causada pela bactéria intraeritrocitária obrigatória *Anaplasma marginale*, é transmitida por carrapatos e moscas hematófagas provocando infecção nos bovinos. Os sinais clínicos desenvolvem-se em animais suscetíveis podendo variar entre formas aguda, hiperaguda, leve e crônica. Possui um período pré-patente de 28 a 42 dias, tempo em que o animal normalmente desenvolve a parasitemia e pode apresentar hipertermia, depressão, anorexia, anemia intensa, icterícia e desidratação. O hemoparasita está presente nas Américas, Austrália e sudeste da África, gerando perdas estimadas em mais de 100 milhões de dólares anuais, sendo a maior causa infecciosa de mortes em bovinos no Rio Grande do Sul. O tratamento se dá através de antimicrobianos do grupo das tetraciclinas, imidocarb ou fluorquinolonas. Entretanto informações recentes oriundas de técnicos de campo e produtores têm indicado que pode haver casos onde mesmo após o tratamento, a infecção latente pode persistir, mantendo animais portadores como fonte de infecção no rebanho que, eventualmente, repetem o quadro clínico da doença. O objetivo do trabalho foi investigar se há persistência de parasitemia após o tratamento com tetraciclina em bovinos experimentalmente infectados. Para tanto, foram utilizados cinco bovinos da raça Aberdeen Angus sem contato prévio com *A. marginale*, os quais haviam sido previamente esplenectomizados. No dia 0, os animais foram inoculados com um isolado de campo de *A. marginale*. Os animais foram tratados com tetraciclina de longa ação (20 mg/Kg) ao apresentarem simultaneamente sinais de hipertermia (>39,5°C) e parasitemia acima de 2% . O tratamento foi repetido após um intervalo de três dias com a mesma dose inicial. Os animais iniciaram parasitemia por volta do 18º dia pós-infecção (p.i.), atingindo aproximadamente 8% de parasitemia no 24º dia p.i.. A maior gravidade dos sinais clínicos foi observada entre o 20º e o 30º dia p.i., com drástica redução do valor de hematócrito e aumento da temperatura retal. Após a repetição do tratamento os sinais clínicos cessaram, contudo, os animais apresentaram uma parasitemia persistente que variou entre 0,2 a 3% até o 90º dia p.i. Estes resultados indicam que o tratamento preconizado da anaplasmosose está sujeito à falhas, resultando na permanência de animais cronicamente infectados no rebanho. Estes, por sua vez, podem servir como fonte de infecção para os vetores e conseqüentemente, para outros bovinos. Não há relatos de *Anaplasma sp.* resistentes a antimicrobianos e os resultados deste alertam para o desenvolvimento de isolados resistentes às drogas usualmente utilizadas no seu tratamento.

(Apoio: FAPERGS, CNPq / MAPA)

CARACTERIZAÇÃO DE MICRO-ORGANISMOS ISOLADOS DE TRAQUÉIA DE PERUS COMERCIAIS SAUDÁVEIS

Joana Paula Wagner Oliveira¹, Fabrine Finkler², Tiela Trap Grasotti³, Lucas Brunelli de Moraes⁴, Benito Guimarães de Brito⁴ e Kelly Cristina Tagliari de Brito⁴ (orient.)

¹Bolsista ITI-A/CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduanda em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ²Bolsista DTI/CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul; ³Bolsista Probiti/Fapergs, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduanda em Ciências Biológicas – Instituto Educacional do Rio Grande do Sul (IERS); ⁴Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul

E-mail: joanawagner@gmail.com, kelly-brito@fepagro.rs.gov.br.

Nos últimos anos, a comercialização da carne de peru vem contribuindo na diversificação da pauta de exportação do agronegócio brasileiro. Fatores como qualidade, sanidade e preço contribuíram para aperfeiçoar a produtividade no setor. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial deste tipo de carne, sendo o Rio Grande do Sul um dos cinco maiores exportadores do país. A intensificação da produção contribui para o risco de disseminação de doenças infecciosas, como as que afetam o sistema respiratório de perus. As espécies benéficas que compõem a microbiota normal do trato respiratório destas aves competem com a colonização por patógenos, reduzindo assim, a contaminação dos produtos alimentares avícolas por micro-organismos que afetam o sistema respiratório destes animais. Este estudo tem como objetivo caracterizar a microbiota normal presente em traquéias de perus para caracterizar possíveis micro-organismos benéficos à saúde destas aves. Foram coletadas amostras de traquéia de perus comerciais com 160 dias de idade. As amostras foram cultivadas em caldo BHI, ágar sangue e ágar Mac Conkey, durante 24h a 37°C em condições de aerobiose. As colônias foram identificadas presuntivamente pelas características morfológicas macroscópicas e foi realizado o teste de Gram para posterior visualização em microscopia óptica (100X). Foram avaliadas a produção de catalase e oxidase. Foi realizada a avaliação das características bioquímicas de fermentação e oxidação de glicose, através da utilização dos meios LIA, TSI, SIM, fenilalanina, vermelho de metila, Vogues Proskauer e ágar citrato. Os micro-organismos Gram-negativos oxidase negativos foram identificados pelo Sistema Bactray I e Bactray II (Laborclin®). As colônias tiveram o crescimento avaliado frente aos seguintes carboidratos nestes sistemas: rarnose, rafinose, sorbitol, dulcitol, maltose, lactose, manitol, trealose e arabinose. Foram identificadas bactérias das espécies *Staphylococcus spp.*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Yersinia pseudotuberculosis*, *Streptococcus spp.*, *Shigella boydii*, *Shigella dysenteriae*, *Klebsiella ozaenae* e *Bacillus spp.* Estudos complementares serão realizados com o objetivo de caracterizar espécies bacterianas presentes no pulmão destas aves.

(Apoio: CNPq/FAPERGS/FINEP)

DETECÇÃO DO GENOMA DO PARVOVÍRUS DE GALINHAS NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL

Josiane Slongo^{1,2}, Helton Fernandes dos Santos^{1,2}, Ana Paula Muterle Varela^{1,2}, Samuel Paulo Cibulski^{1,2}, Ana Claudia Franco², Paulo Michel Roehle^{1,2}. (orient.)

¹FEPAGRO Saúde Animal - Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor (IPVDF) Porto Alegre, RS, Brazil. ²Dep. de Microbiologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde (ICBS), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) Porto Alegre, RS, Brazil.

E-mail: josiane.slongo@gmail.com; proehle@gmail.com

Os parvovírus, pertencentes à família *Parvoviridae*, são considerados como alguns dos menores vírus encontrados na natureza e estão associados a patologias em diversas espécies animais. Os parvovírus já foram descritos em galinhas, embora ainda não haja uma clara associação entre a presença do vírus e o surgimento de uma patologia clínica. O presente trabalho relata a detecção do genoma do parvovírus de galinhas (ChPV) em aves industriais de corte com sinais clínicos de anemia, nanismo e perda de peso. Foram coletadas amostras de 3 propriedades situadas em regiões geograficamente distantes do Estado do Rio Grande do Sul. O DNA total foi extraído a partir de amostras de 49 fígados, usando um protocolo de extração padrão de fenol. Uma PCR foi desenhada para amplificar um fragmento de 561 pares de bases do gene não estrutural (NS) do ChPV. A análise revelou a presença de DNA do ChPV em 23 das 49 (46,94%) amostras testadas. Dois fragmentos amplificados foram sequenciados (HSF1 e HSF2) e comparados. O alinhamento e análise filogenética foram realizados com os programas ClustalW e MEGA5, respectivamente. As sequências obtidas revelaram 96,3% de identidade genômica entre as amostras HSF1 e HSF2, as quais puderam ser agrupadas no cluster II de ChPV. Estes resultados revelam que o ChPV está presente em galinhas comerciais nos aviários testados, embora não tenha sido possível inferir qualquer associação entre a ocorrência de doença e a detecção de genomas de ChPV. Este estudo é o primeiro relato da presença desse genoma viral em aves na região Sul do país, sendo necessária uma averiguação mais aprofundada de uma possível patogenicidade associada a esse vírus e eventuais prejuízos que esse quadro possa causar.

Apoio: CAPES, CNPq, FINEP

SENSIBILIDADE ANTIMICROBIANA DE *ESCHERICHIA COLI* DE AMOSTRAS FECAIS E ISOLADOS DE COLIBACILOSE AVIÁRIA

Leticia da Fontoura Xavier Costa¹, Heloísa Giacomelli Ribeiro¹, Tiela Trapp Grassotti², Fabrine Finkler³, Kelly Cristina Tagliari de Brito⁴ e Benito Guimarães de Brito⁴(orient.)

¹Bolsista ITI/CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduanda em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ²Bolsista Probiti/Fapergs, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduanda em Ciências Biológicas – Instituto Educacional do Rio Grande do Sul (IERGS); ³Bolsista DTI/CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul; ⁴Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul;

E-mail: leticia_fxavier@hotmail.com; benitobrito@gmail.com

A colibacilose está entre os mais frequentes problemas sanitários na indústria avícola. Esta patologia é causada pela bactéria *Escherichia coli*, sendo responsável por relevantes prejuízos à avicultura. Esse micro-organismo pertence à flora bacteriana entérica de animais e seres humanos, estando amplamente disseminada na natureza, sendo que ao redor de 20% podem ser potencialmente patogênicas para as aves. Desta forma, podemos encontrar esse tipo de micro-organismo em amostras fecais. O objetivo do trabalho foi estabelecer uma relação de sensibilidade entre cepas bacterianas de *Escherichia coli*, tanto em casos de colibacilose quanto em amostras fecais, em relação a diferentes antimicrobianos. Foram avaliadas 278 amostras de *Escherichia coli* pertencentes à bacterioteca do Laboratório Saúde das Aves do Instituto de Pesquisas Veterinárias Desidério Finamor – Fepagro. Os testes de sensibilidade antimicrobiana foram realizados a partir do preparo de uma suspensão de bactérias de cultivo recente em caldo BHI, inoculando 100µL desta suspensão na superfície de uma placa de ágar Mueller Hinton onde foram adicionados discos de papel impregnados com antimicrobianos. Foram utilizados os seguintes antimicrobianos: ácido nalidíxico, ampicilina, bacitracina, ciprofloxacina, cloranfenicol, doxiciclina, enrofloxacina, florfenicol, gentamicina, neomicina, nitrofurantoína, norfloxacina, sulfonamidas, sulfametrim e tetraciclina. Após a incubação em estufa a 37°C, por aproximadamente 24 horas, foi analisado o padrão de crescimento ou inibição bacteriana ao redor de cada disco, sendo então medido o tamanho de cada halo. Ambos os grupos de amostras apresentaram alta sensibilidade ao florfenicol, chegando a 93% para amostras fecais e 83% para amostras originárias de aves com colibacilose. A quinolona, ácido nalidíxico, foi o antimicrobiano com menor percentual de sensibilidade nas amostras de *Escherichia coli* testadas, apenas 18% e 25% das amostras de *Escherichia coli* de origem fecal e de quadros de colibacilose foram sensíveis respectivamente. Conclui-se que existe grande variabilidade de resultados para diferentes princípios ativos, tendo destaque a baixa sensibilidade do ácido nalidíxico para a totalidade de amostras analisadas. O florfenicol foi a droga com maior capacidade bactericida entre as amostras de origem fecal e isolados de colibacilose aviária.

(Apoio: Finep / RHAÉ-CNPq / Probiti-Fapergs)

INFECÇÃO COM O VÍRUS DA DOENÇA DO BICO E DAS PENAS EM PSCITACÍDEOS NO BRASIL

Nadine Vergara Schorr¹, Ana Paula Muterle Varela², Helton Fernandes dos Santos³, Diane Alves de Lima³, Camila Mengue Scheffer³, Paulo Michel Roehé^{4,5} (orient.)

¹Bolsista BIC/Fapergs, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul; estudante de graduação em Engenharia Química – Unisinos; ²Doutoranda bolsista CAPES, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Pós-graduando em Ciências Veterinárias – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ³Mestranda bolsista CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Pós-graduando em Ciências Veterinárias – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ⁴ Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – IPVDF, Eldorado do Sul; ⁵Professor do Instituto de Ciências Básicas da Saúde (ICBS), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

E-mail: proehe@gmail.com; nadine.vschorr@gmail.com

O vírus da doença do bico e das penas dos psitacídeos (BFDV) é um membro da família *Circoviridae*, gênero *Circovirus*. A doença causada por este agente é comum em aves psitacíformes, sendo caracterizada por perda de peso, anemia, retardo no crescimento e perda das penas. A enfermidade tem um efeito importante sobre os órgãos linfoides, levando a imunodeficiência e diminuição da condição corporal. Em consequência da imunodepressão, infecções secundárias por fungos e bactérias podem estabelecer-se, agravando os sinais clínicos e podendo levar a um incremento da mortalidade nos animais infectados. O BFDV já foi detectado em aproximadamente 40 espécies de aves selvagens ou mantidas em cativeiros na Austrália, Nova Zelândia, Japão, Portugal, China, Alemanha e África do Sul. No entanto, são poucas as informações sobre a circulação e a variabilidade genética do vírus nos países da América latina. Em vista disso, no presente trabalho reportamos os resultados de um estudo prospectivo realizado visando avaliar a ocorrência de infecções por BFDV em psitacídeos do sul do Brasil, através da identificação de fragmentos do genoma desse agente. Para tanto, DNA total foi extraído de 43 bulbos de penas de aves utilizando PureLink™ Genomic DNA Mini-Kit (Life Technologies). A análise dos DNAs foi conduzida por PCR em tempo real com SYBR® Green (Life Technologies), desenvolvida para amplificação de um fragmento de 138 pb do gene *Rep* do BFDV. A presença de DNA viral foi detectada em 3 das 43 (6,9%) amostras analisadas, das espécies *Amazona amazonica*, *Amazona aestiva* e *Hibrida catalina* (*Ara macao* x *Ara ararauna*). Esse estudo é o primeiro relato da identificação de BFDV em psitacídeos brasileiros. Os resultados encontrados podem auxiliar no desenvolvimento de futuras pesquisas referentes à epidemiologia e à biologia molecular do BFDV podendo, dessa forma, contribuir com o controle e prevenção da enfermidade.

Apoio: (FINEP; CAPES; CNPq; FAPERGS)

PADRONIZAÇÃO E APLICAÇÃO DA TÉCNICA DE RT-PCR PARA METAPNEUMOVÍRUS AVIÁRIO (AMPV)

Tiela Trapp Grassotti¹; Lucas Peretti Hentges²; Kelly Cristina Tagliari de Brito³; Benito Guimarães de Brito³(orient.)

¹Bolsista Probiti/Fapergs, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduanda em Ciências Biológicas - Instituto Educacional do Rio Grande do Sul (IERGS); ²Bolsista Rhae – CNPq, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul, Graduado em Biomedicina - Universidade Federal de Ciências da Saúde de Porto Alegre – UFCSPA; ³Pesquisador, Fepagro Saúde Animal – Eldorado do Sul

tiela.trapp@gmail.com; benitobrito@gmail.com

O metapneumovírus aviário (AMPV) é um vírus membro da família *Paramyxoviridae*, subfamília *Pneumovirinae*, gênero *Metapneumovirus*, com genoma de RNA. O AMPV causa uma doença aguda e altamente contagiosa do trato respiratório em aves comerciais e populações de aves silvestres em todo o mundo. O vírus é o agente etiológico da rinotraqueíte em perus (TRT), estando associado à síndrome da cabeça inchada nas aves. Ele é causador de uma infecção do trato respiratório, levando ao aparecimento de sinais clínicos como estertores traqueais, espirros, descarga ocular e nasal, inchaço dos seios infra-orbitais e edema submandibular. O quadro clínico depende das condições ambientais e da presença de infecções bacterianas secundárias. Devido à alta disseminação e aos prejuízos para a indústria avícola, a implantação de um método de diagnóstico rápido é necessária para o controle eficiente da doença. O objetivo deste trabalho foi padronizar uma técnica de RT-PCR para a detecção do AMPV, através do uso do kit *AccessQuick™ RT-PCR system*. O conjunto de *primers* utilizados é referente à amplificação do gene N (Nucleoproteína) do AMPV, sendo interpretado como positivo as amostras que amplificarem banda na altura de 698pb. Durante a padronização, foi extraído RNA de uma amostra de AMPV de uma vacina comercial produzida com vírus vivo modificado Clone K, Fort Dodge®, para a produção de um controle positivo para a técnica. O protocolo utilizado seguiu as recomendações do fabricante, e variações na temperatura de anelamento foram testadas para melhorar a especificidade da reação. A temperatura de anelamento escolhida foi a de 56°C. Para a aplicação da técnica foram utilizados fragmentos de traqueia e pulmão de 19 perus com quadros de sintomatologia respiratória coletados em abatedouro de Francisco Beltrão - Paraná, que foram armazenadas em solução específica RNALater®, Life Technologies, para evitar a degradação do RNA amostral. Os fragmentos de traqueia, pulmão e suabe ocular de faisão originário de criatório do Rio Grande do Sul com quadro clínico de síndrome da cabeça inchada foram utilizados no teste. Das 42 amostras processadas até o momento, todas tiveram resultado negativo para AMPV.

Apoio: Probiti/Fapergs, CNPq/Mapa, Rhae/CNPq e Finep.

DIVERSIDADE DE BACTÉRIAS ISOLADAS DE SEMENTES DE ARROZ PRODUZIDAS NO RIO GRANDE DO SUL

Ana Paula Klaus Damasceno¹, Lidiane Silveiro², Jane Marlei Boeira³, Andréia Mara Rotta de Oliveira⁴ (orient.)

¹Bolsista Pibic/CNPq, Fepagro Sede - Porto Alegre Graduanda em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia - Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ²Estagiária, Fepagro Sede - Porto Alegre, Graduanda em Agronomia - ULBRA; ³Professor/Pesquisador, Universidade Estadual do Rio Grande do Sul – Novo Hamburgo; ⁴Pesquisador, Fepagro Sede – Porto Alegre

E-mail: ana-damasceno@hotmail.com; andreia-oliveira@fepagro.rs.gov.br

O cultivo de arroz irrigado, praticado na região Sul do Brasil contribui com 54% da produção nacional, sendo o Rio Grande do Sul o maior produtor brasileiro. A redução da presença da população de fitopatógenos nas áreas de produção depende do equilíbrio dos agroecossistemas e é determinada pela diversidade da população microbiana. Em relação às bactérias, muitos estudos vêm sendo realizados para elucidar as interações entre patógeno, hospedeiro e a presença de grupos taxonômicos com potencial antagonista. Esta pesquisa teve como objetivo isolar e caracterizar bactérias de sementes de arroz a fim de determinar futuramente a diversidade da comunidade bacteriana, identificando grupos taxonômicos fitopatogênicos e com potencial antagonista. Para isso foram analisadas 10 amostras de sementes de arroz híbrido das cultivares IRGA 417, Puitá, IRGA 425, IRGA 409 e Puitá CL, provenientes de diferentes locais do Rio Grande do Sul. As sementes foram imersas em solução tampão fosfato, por 90 min, com agitação a 200 rpm. Após, realizou-se diluições seriadas da suspensão e alíquotas de 100 µL foram espalhadas em placas de petri contendo meio PSA e incubadas por 72 horas a 28°C ± 2°C. Colônias com aspectos morfológicos macroscópicos diferentes foram selecionadas para caracterização microscópica, teste de Gram por reação tintorial e solubilidade em KOH e catalase. O DNA das bactérias foi extraído pelo método CTAB para caracterização da região do 16 S rDNA por PCR-RFLP e sequenciamento para determinação da diversidade da comunidade bacteriana presente nas sementes. No total foram obtidos 80 isolados, destes 37 Gram negativo e 31 Gram positivo. Doze isolados não puderam ser classificados pelo teste tintorial de Gram. No teste utilizado para detectar a enzima catalase, 72 isolados foram positivos e 8 negativos. As análises para a caracterização da região do do 16 S rDNA estão em andamento.

(Apoio: CNPq)

CARACTERES DIFERENCIAIS ENTRE AS NINFAS I E II DE COCHONILHAS EM POMARES DE OLIVEIRAS

Caroline de Brito Oliz¹, Daniele Campos da Silva², Gabriela Chesim de Souza³, Vera Regina dos Santos Wolff⁴ (orient.)

¹Graduanda em Ciências Biológicas, Faculdade de Biociências, PUCRS – Porto Alegre;
²Pesquisadora Voluntária, Fepagro sede – Porto Alegre; ³Mestranda, PPG Fitotecnia, UFRGS – Porto Alegre; ⁴Pesquisadora CNPQ, Fepagro sede – Porto Alegre

E-mail: caroline.oliz@acad.pucrs.br; vera-wolff@fepagro.rs.gov.br

O cultivo comercial da oliveira (*Olea europaea* L.) no Brasil está sendo incentivado pelo crescente consumo interno, porém pouco se sabe sobre os fatores que interferem no desenvolvimento desta planta no País. Áreas com plantios comerciais de oliveiras concentram-se principalmente no Centro Oeste e Sul do Rio Grande do Sul, e a pesquisa é de fundamental importância para que este se torne um cultivo viável. Um dos problemas que pode afetar a produção de mudas e o desenvolvimento das plantas é a infestação de cochonilhas. A presença de ninfas caracteriza a fase em que as cochonilhas estão mais vulneráveis, podendo indicar a melhor época de realizar o controle destas espécies nas oliveiras. A Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO), em conjunto com o Programa de Pós-graduação em Fitotecnia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, iniciou em 2012 uma pesquisa realizando o levantamento de cochonilhas (Hemiptera; Coccoidea) em oliveiras (Oleaceae) no Rio Grande do Sul. Parte deste estudo teve como objetivo diferenciar as ninfas I e II das cochonilhas associadas nas oliveiras, em dois pomares (pomar 1: 30° 56' 31" S ; 53° 40' 36" O; pomar 2: 30° 33' 30" S; 53° 24' 09" O), situados em Caçapava do Sul, RS. Foram realizadas mensalmente, coletas de ramos com folhas, sendo esse material examinado em laboratório. Durante a triagem foi realizada a descrição da forma, tamanho e localização na planta (ramo, folhas adaxial e abaxial, nervuras, margem, etc.) das ninfas I e II. Foram encontrados até o momento seis espécies de cochonilhas, uma da família Coccidae e cinco Diaspididae, evidenciando caracteres diferenciais entre as ninfas I e II. Estas diferenças poderão servir para identificar a campo estas espécies.

DIVERSIDADE DE INSETOS ANTÓFILOS ASSOCIADOS A LAVOURAS DE CANOLA UTILIZANDO DIFERENTES MÉTODOS DE AMOSTRAGEM: ÊNFASE EM ABELHAS

Helena de Lima Müller¹, Flávia Tirelli², Bruno Brito Lisboa³, Betina Blochtein⁴, Sidia Witter⁵ (orient.)

¹Bolsista Fapergs. Estudante de Agronomia na Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ²Bolsista DTI-III CNPq; ³Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (Fepagro), Laboratório de solos; ⁴Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul (PUCRS), Faculdade de Biociências; ⁵Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (Fepagro), Divisão de Pesquisa, Gonçalves Dias nº 570, Menino Deus, CEP 90130-060 Porto Alegre, RS.
helenalmuller@gmail.com; sidia-witter@fepagro.rs.gov.br

A produtividade agrícola pode ser intensificada em culturas dependentes de polinização entomófila. Neste contexto, o conhecimento da diversidade e abundância de insetos antófilos é necessário para fundamentar planos para o incremento de produtividade. Este estudo objetivou fornecer dados sobre a comunidade de insetos em lavouras de canola, visando à identificação de potenciais polinizadores desta cultura. Para isso foram utilizadas lavouras comerciais de *Brassica napus* L. var. Hyola 61, em Guarani das Missões, RS (28°08'27"S e 54°33'29"W), durante o período de floração (agosto/setembro/2012). Foram efetuadas três coletas sistemáticas em duas lavouras, adotando-se duas metodologias: (1) *pantraps* (conjunto de 15 pratos-armadilha, sendo 5 amarelos, 5 azuis e 5 brancos) expostos por 24h e (2) coleta direta com rede entomológica (três intervalos de uma hora, iniciando às 10h, 13h e 16h). Com *pantraps* foram amostrados 441 insetos: Diptera (48%), Hymenoptera (24,2%), Coleoptera (24,2%), Lepidoptera (3%) Hemiptera (0,2%) e outros (0,4%). As coletas com rede totalizaram 723 representantes de Hymenoptera (85,2%), Coleoptera (10,1%), Diptera (4,3%) e Lepidoptera (0,4%). Considerando-se ambos os métodos contabilizaram-se 705 abelhas de 15 espécies, sendo 95 indivíduos de 14 espécies com *pantraps* (Apidae-82%, Halictidae-13%, Andrenidae-2% e indeterminados-3%). Com rede entomológica obteve-se 610 espécimes de 7 espécies (Apidae-99,7% e Halictidae-0,3%). Embora o sucesso de coleta com *pantraps* tenha sido menor em número de indivíduos, este método viabilizou a coleta de 8 espécies exclusivas. Apidae foi a família mais representada em número de espécies e indivíduos. *Apis mellifera*, considerada eficiente polinizadora, foi a espécie mais abundante em todas as amostragens (55% *pantraps* e 98,8% rede). Este resultado pode estar relacionado à prática da apicultura na região. Em contrapartida, a reduzida taxa de abelhas nativas possivelmente decorre do impacto de práticas agrícolas. Estudos indicam que a eficiência dos métodos de amostragem varia com o local e a logística, e que resultados mais verossímeis resultam do emprego de diferentes métodos. A coleta com *pantraps* pode ser útil quando se compara o esforço amostral das coletas, pois não há vícios de amostragem pelo coletor e a facilidade ou dificuldade de captura de algumas espécies não influenciará no resultado. É fundamental a padronização nas habilidades dos coletores com rede entomológica para reduzir o impacto nos resultados. O censo com rede possibilitou coleta de maior número de indivíduos, mas *pantraps* foram mais eficientes para diversidade de abelhas. Conclui-se que os métodos são complementares e juntos fornecem resultados mais próximos à comunidade de abelhas na área.

(Apoio: FAPERGS, FAO, CNPq, FUNBIO)

AVALIAÇÃO DE DANOS CAUSADOS POR MOSCA-DAS-FRUTAS (*Anastrepha fraterculus*) EM AMEIXEIRAS DA CULTIVAR FORTUNE

Ivone Deconto Furlan¹, Paulo Roberto Simonetto², Rafael Anzanello²; Amanda Heemann Junges² e Cláudia Martellet Fogaça² (orient.)

¹Estagiária FDRH, Fepagro Serra – Veranópolis, Graduanda do Curso Superior de Tecnologia em Horticultura - Instituto Federal do Rio Grande do Sul (IFRS – Campus Bento Gonçalves;

²Pesquisador(a), Fepagro Serra – Veranópolis

E-mail: ivonedeconto@gmail.com, claudia-fogaca@fepagro.rs.gov.br

A mosca das frutas, *Anastrepha fraterculus*, constitui-se um sério problema para a fruticultura do Rio Grande do Sul, sendo considerada a principal praga da ameixeira (*Prunus salicina* L.). Os danos causados pela mosca-das-frutas se devem a estas utilizarem os frutos para o seu desenvolvimento larval, depreciando a qualidade dos mesmos ou até impedindo a comercialização. As estratégias de controle da praga envolvem aplicação de produtos fitossanitários e adoção de práticas culturais, tais como eliminação de frutos caídos, ensacamento de frutos, colocação de armadilhas e proteção com tela. O objetivo deste trabalho foi quantificar a produção e danos ocasionados por mosca-das-frutas em frutos de ameixeira ‘Fortune’ nas condições de cultivo protegido e não protegido por tela tipo sombrite. Foram utilizadas 8 plantas de ‘Fortune’ pertencentes a um pomar de coleção de ameixeiras da FEPAGRO Serra – Veranópolis. Os tratamentos consistiram de 2 plantas fora da tela (cultivo não protegido) e 6 plantas envoltas lateralmente por tela tipo sombrite (70%, cor preta), instalada com 5m de altura (cultivo protegido). A instalação do telado foi realizada no início do ciclo vegetativo da cultura (outubro de 2011). Não foram aplicados produtos fitossanitários ao longo do ciclo vegetativo das plantas avaliadas neste trabalho. Foram amostrados 100 frutos, por tratamento, por ocasião da colheita (janeiro de 2012). Os frutos foram pesados e analisados quanto a presença de larvas e danos de mosca-das-frutas, mediante avaliação visual. Os resultados indicaram que o número de frutos com presença de larvas de mosca-das-frutas foi menor no cultivo protegido (11), comparativamente ao não protegido (33). Também foi verificada diferença em relação ao peso dos frutos: 9,0 kg no cultivo protegido e 7,9 kg no cultivo não protegido. O emprego de tela do tipo sombrite contribuiu para diminuição dos danos causados por mosca-das-frutas em ameixeiras da cultivar Fortune, de maneira que esta forma de controle constitui-se uma importante alternativa para produção orgânica ou com menor aplicação de produtos fitossanitários. Trabalhos futuros serão realizados para gerar mais informações acerca do uso de sombrite em pomares de ameixeiras, avaliando-se diferentes cores e alturas de colocação da tela, efeito da tela na coloração e demais características físico-químicas dos frutos e incidência de demais pragas.

(Apoio: Fundação para o Desenvolvimento de Recursos Humanos – FDRH).

REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO A *Colletotrichum lindemuthianum* E A *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*

Priscila Martins Dornelles¹, Maria da Graça de Souza Lima², Claudinei Barbieri¹, Liege Camargo da Costa², Juliano Garcia Bertoldo³ e André Boldrin Beltrame² (orient.)

¹Bolsista FDRH, Fepagro Sementes – Júlio de Castilhos, Graduanda do Curso Tecnólogo em Produção de Grãos - Instituto Federal Farroupilha (IF); ²Pesquisador, Fepagro Sementes – Júlio de Castilhos; ³Pesquisador, Fepagro Litoral Norte – Maquiné

E-mail: priscila-de-martins@hotmail.com, andre-beltrame@fepagro.rs.gov.br

O Brasil é o maior produtor mundial de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), porém a produtividade média nacional é inferior à mundial, sendo as doenças uma das razões para essa baixa produtividade. *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causal da antracnose, apresenta grande número de patótipos e que pode provocar severas perdas principalmente nas regiões serranas dos estados das regiões sul e sudeste. Já o crestamento bacteriano, causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, é uma doença disseminada em todas as regiões produtoras e de difícil controle, bem como pode provocar severas perdas. Entre as medidas de controle dessas doenças, recomenda-se o plantio de cultivares resistentes. Em vista disso, os objetivos do trabalho foram avaliar a reação de genótipos de feijão à *C. lindemuthianum* e à *X. axonopodis*. Para isso, foram semeados 12 genótipos de feijão com três repetições em 27/01/2012. Cada repetição foi constituída de uma parcela com quatro linhas de 4 m e espaçamento 0,5 m entre linhas. Foi feita adubação de base com 200 kg h⁻¹ de 4-16-8 (N-P₂O₅-K₂O) e densidade de semeadura de 14 plantas m⁻¹ linear. O delineamento empregado foi em blocos casualizados. As plantas foram expostas à infecção natural. Foram feitas avaliações periódicas, entre 29/3/2012 e 3/5/2012, nas duas linhas centrais, de antracnose e de crestamento bacteriano, com o emprego de escala diagramática, na qual 1 = ausência de sintomas e 9 = necrose em mais de 25% do tecido avaliado. Os dados obtidos foram transformados $\sqrt{x + 0,5}$ e submetidos à análise de variância e de comparação de médias pelo teste de Tukey. Devido à seca, durante o experimento, detectou-se baixa severidade de antracnose nas vagens e de crestamento bacteriano nas plantas de feijão, não sendo possível detectar diferenças de resistência entre os genótipos avaliados. Por outro lado, os resultados mostraram que os feijoeiros Iraí e SM 2210 apresentaram menor severidade de antracnose nas folhas em relação aos demais genótipos. Esses resultados indicam que os genótipos Iraí e SM 2210 são resistentes à infecção de *C. lindemuthianum* nas folhas.

Apoio: FDRH

SELEÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO DE PLANTAS DE MILHO VISANDO O AUMENTO DA PRODUTIVIDADE E A REDUÇÃO DO USO DE FERTILIZANTES NITROGENADOS NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL

Cristiane Lopes Nania¹, Letícia Machado Arruda², Anelise Beneduzi², Bruno Brito Lisboa², Fernanda Bertolo², Luciano Kayser Vargas (orient.)³.

¹Bolsista Probiti/Fapergs, Fepagro – Porto Alegre, Graduada em Engenharia de Bioprocessos e Biotecnologia – Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS); ²Pesquisador; Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO), Rua Gonçalves Dias, 570, Porto Alegre/RS; ³Pesquisador; Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária (FEPAGRO), Rua Gonçalves Dias, 570, Porto Alegre/RS

E-mail: cris.nania2@gmail.com, luciano-kayser@fepagro.rs.gov.br

O milho (*Zea mays* L.), uma planta da família Poaceae, é cultivado em diversas regiões do mundo, sendo bastante utilizado na agricultura familiar e na agroindústria. Porém, são necessárias grandes quantidades de fertilizantes para aumentar a produtividade dessa cultura. Uma alternativa para reduzir o uso de fertilizantes e melhorar a produtividade é a utilização de microrganismos benéficos associados a plantas, particularmente as rizobactérias promotoras de crescimento. Sendo assim, este trabalho teve como objetivo a identificação, seleção e caracterização de bactérias promotoras de crescimento de plantas de milho, visando o aumento da produtividade e a redução de uso de fertilizantes nitrogenados no Estado do Rio Grande do Sul. Amostras de raiz e solo rizosférico de cinco regiões foram coletadas e de cada amostra foi realizado o isolamento das bactérias. Avaliou-se a capacidade dos isolados de produzirem ácido indol acético (AIA), sideróforos e de solubilizarem fosfatos. A caracterização molecular foi realizada através de PCR-RFLP do gene 16S rDNA para análise da diversidade microbiana e identificação dos isolados. Do total de 292 isolados obtidos, 42% foram capazes de produzir sideróforos, 53% solubilizaram fosfatos e 98% produziram AIA. A partir dos resultados obtidos, seis isolados foram selecionados para o ensaio in vivo, a fim de avaliar-se o potencial de promoção de crescimento vegetal em duas cultivares de milho, o híbrido Pioneer 30R50 e o varietal Fepagro 35. Os isolados utilizados para o experimento foram: AGR27 (*Pseudomonas* sp.), VC36 (*Achromobacter* sp.), VC50 (*Chryseobacterium* sp.), VN50 (*Herbaspirillum* sp.), RG38 (*Burkholderia* sp.) e TU39 (*Arthrobacter* sp.), além da estirpe recomendada *Azospirillum brasilense* V6. Os isolados VC36, RG38 e TU39 foram eficientes como promotores de crescimento nas duas cultivares de milho testadas, aumentando a massa seca da parte aérea e da raiz do milho. Além disso, o isolado VC36 aumentou o conteúdo de fósforo e nitrogênio nas plantas inoculadas. Esses resultados indicam que os microrganismos identificados nesse trabalho têm potencial para serem utilizados futuramente como inoculantes.

Apoio: Fapergs

CRESCIMENTO INICIAL E SOBREVIVÊNCIA DE *EUTERPE EDULIS* MART. (ARECACEAE) SOB DIFERENTES DENSIDADES DE PLANTIO

Bianca Munari Martins¹; Juliano Garcia Bertoldo²; Rodrigo Favreto³ (orient.)

¹Acadêmica do curso de Ciências Biológicas, Faculdade Cenecista de Osório CNEC/Osório. Bolsista de Iniciação Científica – PROBIC/FAPERGS/FEPAGRO, Rodovia RS 484, Km 05, CEP 95530-000, Maquiné/RS. ²Pesquisador da FEPAGRO Litoral Norte – Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária, Rodovia RS 484, Km 05, CEP 95530-000, Maquiné/RS. ³Pesquisador da FEPAGRO Litoral Norte – Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária, Rodovia RS 484, Km 05, CEP 95530-000, Maquiné/RS.

E-mail: bianca.munarim@hotmail; rfavreto@fepagro.rs.gov.br.

A palmeira juçara (*Euterpe edulis* Mart.) é muito utilizada para palmito e, em vista da superexploração, está em risco de extinção. Possui importância ecológica por ser nativa, de grande abundância e distribuição geográfica e pelos seus frutos servirem de alimento para a fauna da Mata Atlântica. Este trabalho teve como objetivo avaliar o crescimento inicial e a sobrevivência de *E. edulis* sob diferentes densidades de plantio em sombreamento temporário e permanente. Dois experimentos foram realizados na região litoral norte do Rio Grande do Sul (RS), cujo clima é Cfa. O primeiro experimento foi realizado na FEPAGRO Litoral Norte, onde as palmeiras foram plantadas em 2008 em consórcio com guandu, instalado desde 2006. O experimento foi constituído por cinco blocos casualizados e cinco tratamentos – espaçamentos entre palmeiras (3x0,5, 3x1, 3x1,5, 3x2, 3x3m). O segundo foi realizado na propriedade de agricultor com bananal típico do RS (cultivar Prata), e está constituído por quatro blocos casualizados e seis tratamentos (1x3, 2x3, 3x3, 2x6, 3x6, 6x6m). Neste, as mudas foram plantadas em agosto/2011. Em ambos os experimentos, foram realizadas duas avaliações individualmente em cada palmeira, em agosto e setembro/2011 e maio/2012, de contagem de plantas vivas e variáveis morfológicas (altura, diâmetro à altura do colo (DAC) e número de folhas). Foram quantificadas variáveis físicas e químicas de solo. Os dados foram submetidos à análise de variância e testes de médias SNK em nível de 5% de probabilidade. No experimento 2, foi feita análise de correlação de Spearman entre variáveis das palmeiras e do solo. Em 2012 no experimento 1, a sobrevivência das palmeiras reduziu para 17,7%. Os maiores valores de DAC e altura ocorreram, respectivamente, nos espaçamentos 1,5x3m e 0,5x3m, sendo no espaçamento 3x3m os menores valores. Geadas ocorridas anualmente ocasionaram a morte do guandu e a baixa sobrevivência também das palmeiras. Verifica-se que, apesar de as geadas serem consideradas na literatura científica como raras e fracas, nesta região existe o risco de grandes perdas de juçara se consorciada somente com guandu. Acredita-se que o plantio das mudas de juçara antecipado em um ano neste experimento teria permitido um melhor desenvolvimento da juçara sombreada pelo guandu. Nenhuma das variáveis das palmeiras no experimento 2 em bananal, no primeiro ano, não diferiram entre densidades de plantio. As variáveis DAC, altura, número de folhas e incremento anual em DAC e em altura das palmeiras apresentaram correlações significativas com variáveis de solo, evidenciando possível efeito da fertilidade de solo sobre o crescimento das palmeiras no primeiro ano de plantio.

(Apoio: FAPERGS; EMATER)

AVALIAÇÃO DE VCU EM LINHAGENS CONVENCIONAIS DE SOJA, SAFRA 2011/2012

Claudinei Barbieri¹, Priscila Martins¹, Elinara Carvalho de Oliveira¹, Maria da Graça de Souza Lima², André Boldrin Beltrame², Liege Camargo da Costa² (orient.)

¹Bolsista FDRH, Fepagro Sementes – Júlio de Castilhos, Graduando do Curso Tecnólogo em Produção de Grãos - Instituto Federal Farroupilha (IFF); ²Pesquisadores Fepagro Sementes – Júlio de Castilhos

claudineib@hotmail.com, liege-costa@fepagro.rs.gov.br

A produção de soja está entre as atividades econômicas que apresentaram crescimentos mais expressivos. No contexto mundial, o Brasil possui significativa participação na oferta e na demanda de produtos do complexo agroindustrial da soja, o qual vem desempenhando papel fundamental para o desenvolvimento de várias regiões do País. Este trabalho objetiva relatar o desempenho de genótipos convencionais de soja, avaliados conjuntamente no Estado do Rio Grande do Sul, para deliberar sobre o lançamento de novas cultivares. O delineamento experimental foi blocos ao acaso com três repetições. Os ensaios de VCU foram realizados com 16 linhagens convencionais de soja, pela FEPAGRO, em Júlio de Castilhos e, em Cruz Alta, pela FUNDACEP. Em Júlio de Castilhos, a linhagem JC 06037 apresentou elevada produtividade de grãos/ha (2188,3 kg.ha⁻¹), superior à melhor testemunha para o local (RS10, com 1831 kg.ha⁻¹), correspondendo a um acréscimo de 16,3% e 35% sobre a maior e menor produtividade obtida pelas linhagens RS10 (1831 kg.ha⁻¹) e JC 24122-02 (1422,7 kg.ha⁻¹). As linhagens JC 06037 e JC 06036, em Júlio de Castilhos e JC 06197 e CEPs 09047, em Cruz Alta, produziram acima das testemunhas IAS-5, CD 201, BRS 154 e RS 10, entretanto não diferiram estatisticamente das testemunhas em Cruz Alta. O período da emergência à maturação foi de 143 e 123 dias, respectivamente em Júlio de Castilhos e Cruz Alta. As linhagens CEPs 09048, JC 06036, JC 07142, JC 08090 e JC06197 apresentaram maturação mais tardia em relação às testemunhas, em Júlio de Castilhos enquanto todas as linhagens maturaram após a testemunha mais precoce em Cruz Alta. As linhagens não apresentaram acamamento nem retenção foliar nos diferentes locais de avaliação. A altura média de plantas foi 76 cm, variando de 67 cm (JC 2536-2) a 95 cm (CEPs 09047), em Júlio de Castilhos e 40 cm (JC 06037) a 70 cm (testemunha RS 10), em Cruz Alta. Em relação ao peso de cem sementes avaliado, CEPs 09052 apresentou o mais elevado (19,5 g) e os mais baixos foram observados em CEPs 09047 e 09048, em Júlio de Castilhos, sendo que em Cruz Alta as testemunhas RS 10 e CD 201 apresentaram o mais elevado e mais baixo peso de cem sementes (39,9g e 27,9g, respectivamente). As baixas produtividades obtidas (em média de 30 sacos.ha⁻¹) foram reflexo das adversas condições ambientais de estresse hídrico ao qual se submeteram os cultivos de verão na safra 2011/2012.

MICROPROPAGAÇÃO DE MUDAS DE CANA-DE-AÇÚCAR LIVRES DE DOENÇAS

Cristiane Troian¹, Mariane Richesi², Fernando Fracaro³, Cândida Raquel Scherrer Montero⁴, Caren Regina Cavichioli Lamb⁴(orient.)

¹Bolsista Probiti/Fapergs, Fepagro Serra do Nordeste – Caxias do Sul, Graduada em Agronomia – Universidade de Caxias do Sul (UCS); ²Bolsista FDRH/Fepagro Serra do Nordeste – Caxias do Sul, Graduada em Ciências Biológicas – Universidade de Caxias do Sul (UCS); ³Bolsista CNPq – DTI II, Dr. em Ecologia Recursos Naturais; ⁴Pesquisador, Fepagro Serra do Nordeste – Caxias do Sul

cristroian@hotmail.com, caren@fepagro.rs.gov.br

A cana-de-açúcar é uma cultura muito importante para o agronegócio brasileiro. Os principais produtos derivados da cana-de-açúcar são: o etanol, utilizado como combustível em veículos automotores em substituição aos derivados de petróleo, e o açúcar, utilizado para alimentação humana. Atualmente, os produtores gaúchos respondem por 37 mil hectares de cana-de-açúcar aproximadamente, com rendimento médio de 35 toneladas por hectare. Em outros estados produtores, como Paraná e São Paulo a produtividade alcança 70 a 85 toneladas por hectare, respectivamente. Em decorrência da posição de destaque que a cana-de-açúcar ocupa na economia mundial, a cultura está frequentemente inserida em programas de melhoramento genético clássicos, visando à introdução de características de interesse agrônomo, como resistência a pragas e patógenos, tolerância a herbicidas e aumento no teor de sacarose. A micropropagação é uma alternativa ao processo convencional de propagação vegetativa por meio de colmos. Dessa forma, os objetivos do presente trabalho foram obter mudas de cana-de-açúcar livres de vírus com rendimentos superiores aos atualmente apresentados e manter um Banco Ativo de Germoplasma (BAG). Foram coletados acessos de cana-de-açúcar de diferentes regiões do estado do Rio Grande do Sul, dentre elas, Planalto Superior, Planalto Médio, Alto e Médio Vale do Uruguai, Campanha, Serra e Fronteira Oeste. Alguns acessos de cana-de-açúcar foram submetidos à micropropagação. Inicialmente, os toletes de cana-de-açúcar passaram pelo processo de termoterapia e sequencialmente cultivo em substrato. Aproximadamente, 20 dias após este período, os brotos foram desinfestados e os meristemas isolados, os quais foram submetidos ao cultivo *in vitro* em meio MS com 0,2 mg/L de cinetina e 0,2 de Benzilaminopurina e suplementado com 3 % de sacarose. Devido a algumas condições, alguns acessos não passaram pelo processo de termoterapia. Foi possível obter brotos de acessos de cana-de-açúcar *in vitro*, sendo que houve uma variação no período de indução entre os acessos avaliados e na taxa de multiplicação. Atualmente, os brotos estão sendo avaliados quanto à taxa de enraizamento.

(Apoio: FAPERGS)

AValiação DE CULTIVARES PRECOSES DE MILHO EM JÚLIO DE CASTILHOS NA SAFRA 2011/2012

Elinara Carvalho de Oliveira¹, Liege Camargo da Costa², André Boldrin Beltrame², José Paulo Guadagnin³, Lia Rosane Rodrigues³ e Maria da Graça de Souza Lima² (orient.)

¹Bolsista FDRH, Fepagro Sementes – Júlio de Castilhos, Graduanda do Curso Tecnólogo em Produção de Grãos - Instituto Federal Farroupilha (IFF); ²Pesquisadores Fepagro Sementes – Júlio de Castilhos; ³Pesquisadores Fepagro Sede – Porto Alegre.

E-mail: elinaracarvalho@hotmail.com, maria-lima@fepagro.rs.gov.br

Com o objetivo de caracterizar aspectos agrônômicos e descrever o desempenho produtivo de cultivares geradas por programas de melhoramento de instituições públicas e privadas, foram conduzidos dois ensaios no ano agrícola 2011/2012, no município de Júlio de Castilhos. Onze cultivares convencionais de ciclo precoce foram comparadas, visando ao ingresso na lista de indicação. Em outro ensaio, foram cotejadas doze cultivares convencionais de ciclo precoce já pertencentes à lista de indicadas. A densidade foi ajustada para 60.000 plantas por hectare. Foi avaliada a produção de grãos corrigida para 13% de umidade e comparada com o rendimento médio de ensaios conduzidos em outros locais do estado. Para o ensaio visando à indicação, as médias estaduais foram constituídas pelos rendimentos de Aratiba, Arroio do Meio, Capão do Leão, Coxilha, Passo Fundo, Santa Maria, Sertão, Vacaria e Veranópolis. Para o ensaio de cultivares indicadas, os rendimentos considerados foram os de Aratiba, Capão do Leão, Coxilha, Passo Fundo, Pelotas, Sertão, Vacaria e Veranópolis. O delineamento experimental adotado, para todos os ensaios, foi em blocos casualizados com três repetições. O município de Júlio de Castilhos teve redução de 54,2 % na precipitação pluvial entre setembro e fevereiro de 2012, sendo a normal climatológica de 844 mm. Apesar da baixa pluviosidade, as cultivares convencionais precoces BM 3066, com 3.869 kg ha⁻¹; BG 7060, com 3.403 kg ha⁻¹ e P 30F53, com 3.388 kg ha⁻¹, ocuparam o primeiro, segundo e terceiro lugar em rendimento, respectivamente. Essas cultivares foram as melhores do ensaio, com cerca de 56% (BM 3066) e 49% (BG 7060 e 30F53 H) da média geral estadual e de 169% (BM 3066), 148% (BG 7060) e 149% (30F53 H) da média do ensaio local. As cultivares de ciclo precoce indicadas, AG 9045, com 5.182 kg ha⁻¹ (62% da média geral estadual), AG 8025, com 3.563 kg ha⁻¹, AS 1551, com 3.342 kg ha⁻¹ e BM 911, com 3.098 kg ha⁻¹, apresentaram produtividade 200, 140, 132 e 122%, respectivamente, superiores às demais cultivares. Situando-se entre as quatro primeiras, também na média dos ensaios estaduais em rede, essas foram as mais produtivas mesmo sob condições de baixos volumes de precipitação pluvial. Os ensaios serão repetidos para subsidiar a escolha dos produtores por genótipos de melhor desempenho local.

(Apoio: FDRH)

EFEITO DO CONGELAMENTO E COZIMENTO DOS FRUTOS DO BUTIAZEIRO NO SEU DESPOLPAMENTO

Luciane Ribeiro da Costa¹, Gilson Schlindwein², Adilson Tonietto² (orient.)

¹Bolsista Probiti/Fapergs, Fepagro Sede – Porto Alegre, Graduanda em Agronomia – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ²Pesquisador, Fepagro Sede – Porto Alegre;

E-mail: luciane_rcosta@hotmail.com, tonietto@fepagro.rs.gov.br

Os frutos do butiazeiro perdem rapidamente sua qualidade após a colheita. Para minimizar as perdas, agregar valor e gerar maior aproveitamento dos frutos, o processamento destes é uma alternativa para os interessados em comercializar produtos desta fruteira. Visando melhorar o processo de obtenção da polpa do butiá, verificou-se o efeito dos processos de cozimento e congelamento dos frutos, antes do despulpamento, sobre o rendimento de polpa. Foram utilizados três cachos de frutos de diferentes plantas (Lote 1, Lote 2 e Lote 3). Cada lote foi separado em três amostras com igual peso. Cada amostra passou por um dos tratamentos a seguir: despulpamento direto; cozimento e despulpamento; e congelamento e despulpamento. O resíduo foi repassado na despulpadora até a obtenção de 50% de rendimento de polpa ou mais. Após o despulpamento estar completado a polpa obtida foi pesada e embalada em sacos plásticos no volume de 100 mL. O Lote 1 não alcançou 50% de rendimento de polpa nos tratamentos testados, chegando aos 48,7% no quinto repasse. Os lotes 2 e 3 alcançaram, respectivamente 55,2 e 51,6% de rendimento de polpa no segundo repasse e em frutos congelados. Os frutos cozidos não alcançaram 50% de rendimento de polpa nos tratamentos utilizados, não sendo recomendado este processo para a melhoria do processo de despulpamento dos frutos do butiazeiro. O congelamento dos frutos facilita a operação de despulpamento aumentando o rendimento de polpa.

Apoio: Fapergs/CNPq-PRONEX

AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE 30 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL NOS ANOS DE 2010 A 2012

Mariane Richesi¹, Cristiane Troian², Fernando Fracaro³, Nilton Luís Gabe⁴, Bruno Brito Lisboa⁵, Caren Regina Cavichioli Lamb⁶(orient.)

¹Bolsista FDRH/Fepagro Serra do Nordeste – Caxias do Sul, Graduanda em Ciências Biológicas – Universidade de Caxias do Sul (UCS); ²Bolsista PROBITI/Fapergs, Fepagro Serra do Nordeste – Caxias do Sul, Graduanda em Engenharia Agrônoma – Universidade de Caxias do Sul (UCS); ³Bolsista CNPq – DTI II, Dr. em Ecologia Recursos Naturais; ⁴Pesquisador, Fepagro Cereais – São Borja; ⁵Pesquisador, Fepagro Sede – Porto Alegre; ⁶Pesquisador, Fepagro Serra do Nordeste – Caxias do Sul.

E-mail: marianerichesi@gmail.com, caren@fepagro.rs.gov.br

A cana-de-açúcar é uma cultura importante para o agronegócio brasileiro. Os principais produtos derivados são o etanol, utilizado como combustível em veículos automotores e o açúcar, utilizado para alimentação humana. Os produtores gaúchos respondem pelo plantio de 37 mil ha de cana-de-açúcar com rendimento médio de 35 toneladas por hectare. Há necessidade de estudos de adaptação com a cultura no estado do RS. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi avaliar 30 genótipos de cana-de-açúcar em diferentes condições de solo e de clima. Os locais de avaliação foram Centros de Pesquisa da Fepagro, em Caxias do Sul, Viamão e São Borja. Foram realizadas avaliações ao longo do ciclo de 2010, 2011 e 2012. Os seguintes parâmetros foram avaliados: estatura de planta, diâmetro de colmo, peso de 10 colmos, índice de maturação (IM), toneladas de colmo por ha (TCH) e toneladas de brix por hectare (TBH). O delineamento foi de blocos ao acaso e os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas através do teste de Tukey ao nível de 5% probabilidade. Para estatura de planta, se destacaram os genótipos RB 935744 e RB008347 com maior estatura, diferindo significativamente do genótipo RB975944, com menor estatura de planta. Não houve diferença significativa entre as médias para diâmetro de colmo. Em relação ao peso de 10 colmos, o genótipo RB008347 foi superior, enquanto que o genótipo RB946903 foi inferior. O IM mais elevado ocorreu em Viamão, e o menor em São Borja. O TCH foi superior em Caxias do Sul e São Borja. O TBH foi superior nas canas implantadas em São Borja e Viamão, sendo que Caxias do Sul apresentou as menores médias para esta análise.

(Apoio: FDRH)

ANÁLISE DO PADRÃO DE OCORRÊNCIA DE CHUVAS NO MUNICÍPIO DE SÃO BORJA, RS

Marcelo Rocha Petineli¹, Bernadete Radin²(orient.)

¹Bolsista Probioc/Fapergs, Fepagro – Porto Alegre, Graduando em Agronomia – Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS); ²Pesquisador, Fepagro – Porto Alegre;

E-mail: marcelopetineli@hotmail.com, radin@fepagro.rs.gov.br

A precipitação pluvial é um elemento climático muito importante, pois afeta diretamente diversos setores da sociedade, como a agricultura, a economia, o meio ambiente, dentre outros. O entendimento do padrão de distribuição das chuvas, em certo espaço de tempo, é extremamente útil para minimizar os danos que venham a ser causados principalmente pelas precipitações intensas. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o padrão de ocorrência da precipitação no município de São Borja, RS. Para fazer essa análise, foram utilizados dados contidos no banco de dados meteorológicos pertencentes à FEPAGRO, no período de 1973 a 2007. A partir dessas informações foram analisadas as ocorrências de precipitação diária e mensal do município de São Borja. Posteriormente, buscou-se nos pluviogramas, as ocorrências de precipitação acima de 10mm h⁻¹. Com esses dados, fez-se uma classificação das chuvas intensas dividindo-as em cinco classes: I) de 10 a 19,9mm h⁻¹; II) de 20 a 29,9mm h⁻¹; III) de 30 a 39,9mm h⁻¹; IV) de 40 a 49,9mm h⁻¹ e V) acima de 50mm h⁻¹ as quais foram avaliadas nas estações do ano: verão (dezembro, janeiro e fevereiro), outono (março, abril e maio), inverno (junho, julho e agosto) e primavera (setembro, outubro e novembro). Analisando-se os dados da precipitação total ocorrida, inclusive as abaixo de 10mm h⁻¹, observou-se que 25% ocorreram no verão, 30% no outono, 28% na primavera e 17% no inverno. Avaliando-se a precipitação acima de 10 mm h⁻¹, observou-se que, na soma das diferentes classes, o outono foi o que apresentou maior ocorrência de eventos de precipitação (33%), seguido do verão (29%), primavera (25%) e, por último, o inverno (13%). O inverno, além de ter o menor número de eventos, também foi a estação que apresentou o maior percentual de ocorrência de chuva na classe I, apresentando 86% dos casos, ou seja, as chuvas, na sua maioria foram amenas quando comparadas as demais estações do ano. Nas classes II e III houve a ocorrência de 11,7% e 1,8%, respectivamente. Já a classe IV, não apresentou nenhum registro, ficando a classe V com 0,5% das ocorrências. A maior ocorrência de eventos de chuva foi no outono, enquanto que no verão foi observada maior concentração de chuvas intensas. O verão apresentou 63,5%, 21,9%, 7,6%, 4,7% e 2,3%, nas classes I a V, respectivamente.

Apoio: Fapergs