REVISTA TÉCNICA
DA AGROINDÚSTRIA

Vol. 3, n. 2, Artigo 150
2 de novembro de 2026
ISSN 2965-8691

ARTIGO TÉCNICO

MICROBIOTA DO LEITE BOVINO: ORIGEM, IMPORTÂNCIA E MÉTODOS DE CARACTERIZAÇÃO

Autores: Ramon Altivo Domiciano da Silva[1,2], Felipe Alves de Almeida[3,4], Kely de Paula Correa[2], Vanessa Aglaê Martins Teodoro[1,5]

[1]Programa de Pós-graduação em Ciência e Tecnologia do Leite e Derivados (PPGCTLD), Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), [2] Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais Instituto de Laticínios Cândido Tostes (EPAMIG ILCT), [3] Laboratório de Microbiologia Industrial e de Alimentos (LAMIND), Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO), Universidade Federal de Viçosa (UFV), [4] Departamento de Microbiologia, Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola (PPGMBA), UFV, [5] Departamento de Medicina Veterinária, UFJF.

Autor para correspondência (email): ramon.altivo2@hotmail.com



DESTAQUE

A caracterização da microbiota do leite permite compreender fontes de contaminação e alterações tecnológicas, com métodos de cultivo e abordagens independentes de cultivo.

1. INTRODUÇÃO

O leite bovino apresenta uma comunidade microbiana diversificada, influenciada por fatores relacionados ao animal, ao ambiente, ao manejo e à amostragem. Além dessas fontes, a glândula mamária pode contribuir para essa diversidade, enquanto a possível transferência de

Vol. 3, n. 2, Artigo 150
2 de novembro de 2026
ISSN 2965-8691

microrganismos do trato gastrointestinal permanece como hipótese ainda não comprovada (Taponen *et al*., 2019; Dahlberg *et al*., 2020).

Os filos bacterianos Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteria e Bacteroidetes estão entre os principais grupos identificados no leite bovino, além de comunidades fúngicas e virais. A composição e a abundância da microbiota podem variar conforme o ambiente, o manejo, o estágio de lactação e características individuais dos animais (Derakhshani *et al*., 2018; Dahlberg *et al*., 2020).

A identificação da microbiota do leite pode ser realizada por métodos dependentes que são importantes para a recuperação de microrganismos viáveis, mas podem subestimar a diversidade microbiana. Nesse contexto, métodos independentes de cultivo, como o sequenciamento do gene *16S rRNA* e a metagenômica *shotgun*, permitem ampliar a caracterização da comunidade, embora estejam sujeitos a limitações relacionadas à baixa biomassa, contaminação e processamento das amostras. O processamento é crítico, pois as etapas realizadas antes do sequenciamento podem alterar a representação da comunidade microbiana, fazendo com que alguns microrganismos sejam detectados em maior ou menor proporção (Kuehn *et al*., 2013; Parente *et al*., 2020).

Diante disso, esta revisão de literatura teve como objetivo discutir evidências sobre a origem, a importância e os métodos de caracterização da microbiota do leite bovino, com ênfase nas abordagens independentes de cultivo, como as metagenômicas.

2. DESENVOLVIMENTO E DISCUSSÃO

A origem da microbiota do leite bovino ainda não está completamente elucidada. Entre as possíveis fontes de microrganismos estão a pele dos tetos, o ambiente de ordenha, as fezes e os utensílios utilizados durante a obtenção do leite, além de possíveis contribuições da própria glândula mamária. Taponen *et al.* (2019) detectaram DNA bacteriano na cisterna mamária; entretanto, a ausência de crescimento em cultura não permite confirmar a viabilidade desses microrganismos. Outra hipótese envolve a transferência de microrganismos do trato gastrointestinal para a glândula mamária, embora essa possibilidade ainda não tenha sido comprovada. Dessa forma, a origem da microbiota do leite envolve diferentes fontes e permanece como uma questão em investigação (Taponen *et al*., 2019).

2.1. Importância do conhecimento da microbiota do leite bovino

A importância da microbiota do leite ultrapassa a descrição de sua diversidade microbiana, uma vez que sua composição está relacionada a fatores inerentes ao animal, ao ambiente, ao manejo e à metodologia de amostragem. Entre as características individuais dos animais associadas à composição microbiana do leite, destacam-se o estágio de lactação, o número de partições, as características anatômicas e fisiológicas dos tetos, a raça e a idade (Dahlberg *et al*., 2020). A

Vol. 3, n. 2, Artigo 150
2 de novembro de 2026
ISSN 2965-8691

composição da comunidade microbiana também apresenta variações ao longo da lactação. Essa dinâmica é observada no colostro, cuja composição taxonômica e diversidade microbiana sofrem alterações durante os primeiros dias após o parto (Derakhshani *et al*., 2018). Essas modificações reforçam a influência das condições fisiológicas do animal sobre a microbiota do leite.

A caracterização da comunidade microbiana também é relevante para a investigação de grupos bacterianos associados a processos infecciosos, incluindo a mastite. Entretanto, a detecção de determinados microrganismos não constitui, isoladamente, evidência de doença, sendo necessária sua interpretação em conjunto com informações clínicas, microbiológicas e relacionadas ao animal. Nesse contexto, a análise da microbiota representa uma abordagem complementar para o estudo das relações entre os microrganismos presentes no leite e a saúde da glândula mamária (Parente *et al*., 2020).

No âmbito tecnológico, a composição microbiana está relacionada à variabilidade observada durante o processamento do leite e à ocorrência de alterações nos produtos lácteos. Determinados microrganismos produzem enzimas, como proteases e lipases, que promovem modificações nas proteínas e nos lipídios do leite. Essas alterações interferem nas propriedades tecnológicas e sensoriais da matéria-prima e de seus derivados, com repercussões em processos como coagulação, fermentação e maturação, particularmente na produção de queijos. Além disso, a presença de microrganismos deteriorantes está relacionada à redução da estabilidade e da vida útil do leite e de seus derivados. O reconhecimento desses grupos é relevante para a identificação de causas de deterioração, a definição de estratégias de controle e a redução de perdas ao longo da cadeia produtiva (Parente *et al*., 2020).

A técnica de amostragem também exerce influência sobre a caracterização da microbiota. Diferentes procedimentos de coleta e frações do leite apresentam perfis microbianos distintos, com diferenças entre amostras obtidas diretamente da glândula mamária e aquelas provenientes do tanque de expansão. Assim, a origem e o procedimento de coleta interferem nos microrganismos detectados, o que reforça a importância da padronização das técnicas de amostragem para assegurar maior consistência nas comparações entre estudos (Dahlberg *et al*., 2020).

2.2. Metagenômica: conceitos fundamentais

A metagenômica consiste no estudo do material genético coletivo de uma comunidade microbiana diretamente de uma amostra, sem a necessidade de isolamento e cultivo dos microrganismos. No leite, essa abordagem ampliou o conhecimento sobre a diversidade e a estrutura da microbiota, especialmente porque os métodos dependentes de cultivo não recuperam necessariamente todos os microrganismos presentes na matriz. O desenvolvimento das tecnologias de sequenciamento de alto rendimento favoreceu a análise

Vol. 3, n. 2, Artigo 150
2 de novembro de 2026
ISSN 2965-8691

simultânea de grandes quantidades de sequências de DNA, ampliando a caracterização da diversidade microbiana (Parente *et al*., 2020).

Entre as principais estratégias utilizadas para caracterizar a microbiota estão o sequenciamento de genes marcadores e a metagenômica *shotgun*. O sequenciamento de regiões específicas, também denominado *metabarcoding*, utiliza marcadores moleculares direcionados a determinados grupos microbianos. Para a caracterização de bactérias e arqueias, o gene *16S rRNA* é amplamente empregado, com regiões como V3–V4 ou V1–V9 selecionadas de acordo com o objetivo do estudo, os *primers* e a plataforma de sequenciamento. Para fungos, a região *ITS* (*Internal Transcribed Spacer*) constitui um dos principais marcadores, devido à sua variabilidade e capacidade de diferenciar grupos fúngicos. Os vírus, por sua vez, não possuem um marcador molecular universal equivalente ao *16S rRNA* ou ao *ITS*, exigindo estratégias específicas para a análise de seu material genético. Entre as limitações do *metabarcoding* estão os vieses de amplificação, as restrições de resolução taxonômica e a ausência de informações funcionais abrangentes sobre a comunidade (Parente *et al*., 2020).

A metagenômica *shotgun*, por sua vez, consiste no sequenciamento aleatório do material genético presente na amostra, sem direcionamento para regiões marcadoras específicas. Essa abordagem oferece uma caracterização mais abrangente da comunidade microbiana, com identificação de bactérias, fungos e vírus de DNA, além da investigação de genes e do potencial funcional da comunidade. A identificação de vírus de RNA requer estratégias específicas que incluam a obtenção e o sequenciamento desse tipo de material genético, como a metatranscriptômica. Entre as limitações da metagenômica *shotgun*, destacam-se o maior custo, a necessidade de maior profundidade de sequenciamento e a complexidade das análises bioinformáticas. No leite bovino, essa abordagem amplia a investigação da diversidade microbiana e das relações entre os microrganismos e as condições de produção, armazenamento e processamento (Parente *et al*., 2020).

2.3. Aplicação à cadeia agroindustrial do leite

Na cadeia agroindustrial do leite, a composição microbiana da matéria prima está diretamente relacionada às condições de obtenção, refrigeração e armazenamento. Durante essas etapas, falhas nos procedimentos de higienização dos equipamentos, na qualidade da água e no controle da temperatura favorecem a introdução ou a multiplicação de determinados grupos microbianos. Alguns desses microrganismos produzem proteases e lipases, cujas atividades podem provocar alterações nas proteínas e nos lipídeos, comprometendo a estabilidade do leite durante o armazenamento e as características tecnológicas dos produtos obtidos após o processamento térmico (Parente *et al.*, 2020). A figura 1 ilustra os fatores que influenciam a microbiota do leite bovino, suas implicações nas etapas da cadeia agroindustrial e as principais estratégias de controle.

Vol. 3, n. 2, Artigo 150
2 de novembro de 2026
ISSN 2965-8691

Figura 1 – Fatores que influenciam a microbiota do leite bovino.



Fonte: elaborada pelo autor (2026).

3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A microbiota do leite bovino é complexa e influenciada por fatores relacionados ao animal, ao ambiente, ao manejo e ao processamento, apresentando importância para a qualidade, a segurança e as características tecnológicas dos produtos lácteos. Nesse contexto, abordagens independentes de cultivo, como o sequenciamento do gene *16S rRNA* e da região *ITS*, permitem ampliar a caracterização de comunidades bacterianas e fúngicas, respectivamente. Complementarmente, a metagenômica *shotgun* possibilita uma análise mais abrangente do material genético presente nas amostras, podendo contemplar bactérias, fungos e vírus. Apesar das limitações metodológicas e da complexidade envolvida no processamento e na interpretação dos dados, essas ferramentas contribuem para uma compreensão mais ampla do microbioma e de sua relação com a qualidade e o processamento do leite. Assim, a integração entre métodos culturais e técnicas independentes de cultivo pode ampliar a caracterização da microbiota e fornecer subsídios para o desenvolvimento de estratégias de controle de qualidade, processamento e conservação do leite e de seus derivados.

REFERÊNCIAS

DAHLBERG, A. K. *et al.* Microbiota of bovine milk, teat skin, and teat canal: similarity and variation due to sampling technique and milk fraction. *Journal of Dairy Science*, v. 103, n. 8, p. 7322-7330, 2020. DOI: https://doi.org/10.3168/jds.2019-17783.

DERAKHSHANI, H. *et al*. Composition of the teat canal and intramammary microbiota of dairy cows subjected to antimicrobial dry cow therapy and internal teat sealant. *Journal of Dairy Science*, v. 101, n. 11, p. 10191-10205, 2018. DOI: https://doi.org/10.3168/jds.2018-14858.

KUEHN, J. S. *et al*. Bacterial community profiling of milk samples as a means to understand culture-negative bovine clinical mastitis. *PLoS ONE*, v. 8, n. 4, e61959, 2013. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061959.

PARENTE, E.; RICCIARDI, A.; ZOTTA, T. The microbiota of dairy milk: a review. *International Dairy Journal*, v. 107, 104714, 2020. DOI: https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2020.104714

TAPONEN, S. *et al*. Bovine milk microbiome: a more complex issue than expected. *Veterinary Research*, v. 50, n. 1, p. 44, 2019. DOI: https://doi.org/10.1186/s13567-019-0662-y