

DANYELLA ROCHA QUEIROZ

**RELAÇÃO DA ORDEM DE PARIÇÃO NO ISOLAMENTO BACTERIANO NO
FUNDO VAGINAL DURANTE O PÓS-PARTO IMEDIATO DE VACAS LEITEIRAS
MISTIÇAS**

UBERLÂNDIA

2026

DANYELLA ROCHA QUEIROZ

**RELAÇÃO ENTRE A ORDEM DE PARIÇÃO NO ISOLAMENTO BACTERIANO
NO FUNDO VAGINAL DURANTE O PÓS-PARTO IMEDIATO DE VACAS
LEITEIRAS MISTIÇAS**

Projeto de Pesquisa apresentado à Faculdade de
Medicina Veterinária – FMVZ da
Universidade Federal de Uberlândia – UFU,
como requisito parcial à aprovação na
disciplina de Trabalho de Conclusão de Curso
II.

Orientadora: Profa. Dra. Ricarda Maria dos
Santos

Coorientador: José da Páscoa Nascimento Neto

UBERLÂNDIA

2026

DANYELLA ROCHA QUEIROZ

**RELAÇÃO ENTRE A ORDEM DE PARIÇÃO NO ISOLAMENTO BACTERIANO
NO FUNDO VAGINAL DURANTE O PÓS-PARTO IMEDIATO DE VACAS
LEITEIRAS MESTIÇAS**

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado à Faculdade de Medicina
Veterinária e Zootecnia da Universidade
Federal de Uberlândia, como requisito
parcial à aprovação na disciplina de
Trabalho de Conclusão de Curso II.

Área de concentração: Reprodução
Animal

Uberlândia, 24 de agosto de 2026:

Banca Examinadora:

Professora: Dr^a. Ricarda Maria dos Santos (FMVZ)

Professor: Me. José da Páscoa Nascimento Neto (FMVZ)

Vitor Augusto Nunes da Silva (Médico Veterinário)

RESUMO

As secreções presentes no fundo de vagina durante os primeiros dias do pós-parto podem refletir o ambiente uterino. A perda temporária das barreiras físicas durante o parto permite a ascensão de micro-organismos que impactam negativamente a fertilidade de vacas de leite. Fatores como a ordem de parição podem alterar esse fluxo microbiano devido às diferenças nas respostas inflamatórias, no tempo de involução e na anatomia reprodutiva de vacas primíparas e múltiparas. Assim, com este estudo analisou-se o efeito da ordem de parição no isolamento bacteriano no fundo de vagina no pós-parto imediato de vacas leiteiras, visando determinar o perfil bacteriano característico de cada categoria. Entre março de 2025 e janeiro de 2026, foram avaliadas 100 vacas de uma Fazenda comercial de produção de leite da região de Uberlândia, MG. Amostras de descarga vaginal foram coletadas da região de fundo vaginal entre os dias 0 e 3 dias pós-parto, utilizando o dispositivo Metrichack. As amostras, acondicionadas individualmente em tubos estéreis, foram transportadas ao Laboratório da INATA Ltda. Para o cultivo das amostras, com o auxílio de um swab foi realizado esfregaço do conteúdo coletado em um terço das placas e depois estriado com uma alça bacteriológica. Os meios utilizados foram ágar Sangue, um meio não seletivo indicado para o cultivo de bactérias em geral, e ágar MacConkey, meio seletivo diferencial para crescimento e identificação de enterobactérias. Além disso, uma das placas de ágar Sangue foi incubada em jarra de anaerobiose para crescimento de bactérias anaeróbicas estritas. E outra placa de ágar sangue foi incubada em aerobiose junto com a de ágar MacConkey, todas em estufa a 37°C por 48 horas. Após o primeiro inóculo as colônias suspeitas foram isoladas e repicadas nos seguintes meios de cultura: ágar Sangue, ágar MacConkey e ágar Chromogênico e incubadas em atmosfera de acordo com a suspeita, em estufa a 37°C por 48 horas. As espécies de bactérias foram caracterizadas pelo método MALDI-TOF MS. Notou-se que as taxas de isolamento bacteriano em material coletado de fundo vaginal, assim como a distribuição das amostras segundo o número de espécies bacterianas isoladas de fêmeas bovinas, aumentaram conforme a ordem de parição. Portanto, a quantidade de partos prévios da fêmea bovina exerce influência sobre a diversidade bacteriana presente útero e no fundo de vagina durante o pós-parto imediato.

Palavras chave: Microbiota uterina, Saúde reprodutiva, Ordem de parto, Vacas leiteiras.

ABSTRACT

The secretions present in the vaginal fornix during the first days postpartum can reflect the uterine environment. The temporary loss of physical barriers during calving allows the ascension of microorganisms that negatively impact the fertility of dairy cows. Factors such as parity order can alter this microbial flow due to differences in inflammatory responses, involution time, and reproductive anatomy of primiparous and multiparous cows. Therefore, this study analyzed the effect of parity order on bacterial isolation in the vaginal fornix in the immediate postpartum period of dairy cows, aiming to determine the characteristic bacterial profile of each category. Between March 2025 and January 2026, 100 cows from a commercial dairy farm in the region of Uberlândia, MG, were evaluated. Vaginal discharge samples were collected from the vaginal fornix region between 0 and 3 days postpartum using the Metricheck device. The samples, individually packaged in sterile tubes, were transported to the laboratory of INATA Ltda. For sample culturing, with the aid of a swab, a smear of the collected content was performed on one-third of the plates and then streaked with a bacteriological loop. The media used were Blood agar, a non-selective medium indicated for the cultivation of bacteria in general, and MacConkey agar, a selective differential medium for the growth and identification of enterobacteria. Furthermore, one of the Blood agar plates was incubated in an anaerobiosis jar for the growth of strict anaerobic bacteria, and another Blood agar plate was incubated in aerobiosis along with the MacConkey agar plate, all in an incubator at 37°C for 48 hours. After the initial inoculum, suspected colonies were isolated and subcultured onto the following culture media: Blood agar, MacConkey agar, and Chromogenic agar, and incubated in an atmosphere according to suspicion, in an incubator at 37°C for 48 hours. Bacterial species were characterized by the MALDI-TOF MS method. It was observed that bacterial isolation rates in material collected from the vaginal fornix, as well as the distribution of samples according to the number of bacterial species isolated from bovine females, increased with parity order. Therefore, the number of previous calvings of the bovine female exerts an influence on the bacterial diversity present in the uterus and the vaginal fornix during the immediate postpartum period.

Keywords: Uterine microbiota, Reproductive health, Parity order, Dairy cows.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas primíparas	20
Tabela 2. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas secundíparas	22
Tabela 3. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas de terceiro parto	23
Tabela 4. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas com quatro partos ou mais	25

LISTA DE GRÁFICOS

- Gráfico 1.** Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas primíparas durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas..... 21
- Gráfico 2.** Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas secundíparas durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas..... 22
- Gráfico 3.** Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas de terceiro parto durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas24
- Gráfico 4.** Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas de quatro partos ou mais durante o pós-parto (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas 26

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	9
2. REVISÃO DE LITERATURA	11
2.1 Alterações Periparto de Bovinos e sua Predisposição à Infecção Uterina	11
2.2 Metrite puerperal: Etiologia e Impactos na Fertilidade	12
2.3 Relação entre ordem de parição e doenças uterinas	13
2.4 Desafios do uso de antibióticos e a resistência antimicrobiana na produção animal	15
2.5 O Uso de Probióticos e seu Potencial de Modulação da Microbiota Uterina	17
3. METODOLOGIA	18
3.1 Local de coleta e animais	18
3.2 Coleta de amostras	18
3.3 Análises laboratoriais	19
3.4 Análises de dados	19
4. RESULTADOS	19
5. DISCUSSÃO	26
6. CONCLUSÃO	29
7. REFERÊNCIAS	30

1. INTRODUÇÃO

Doenças microbianas uterinas afetam metade de todo o gado leiteiro durante o pós-parto, comprometendo as funções uterinas e ovarianas, o que pode levar a quadros de infertilidade e subfertilidade (SHELDON *et al.*, 2009). Tais afecções comprometem diretamente a dinâmica ovariana, gerando prejuízos aos índices produtivos e reprodutivos do rebanho. Esse impacto decorre do comprometimento da função ovariana e da saúde dos oócitos, resultando em ciclicidade anormal, declínio nas taxas de concepção e prenhez, elevação das perdas gestacionais e natimortos, além do prolongamento do intervalo de partos (TAYEBWA *et al.*, 2015). E aumenta os riscos de descarte involuntário precoce além de reduzir a produção de leite (DUBUC *et al.*, 2011; de OLIVEIRA *et al.*, 2020).

Segundo Miranda-Casoluengo *et al.* (2019), estudos anteriores demonstram uma estreita correlação entre o perfil microbiológico vaginal e uterino no pós-parto imediato e a subsequente manifestação de enfermidades reprodutivas. Alterações fisiológicas podem induzir a imunossupressão dos mecanismos de defesa do hospedeiro, o que afeta as respostas celular e humoral, e resulta em maior suscetibilidade do trato reprodutivo a processos infecciosos (MULLIGAN *et al.*, 2008; TAN *et al.*, 2012). Múltiplos fatores modulam a intensidade da imunossupressão no momento do parto, como alterações nutricionais, a elevação dos níveis de cortisol e as flutuações nas concentrações dos hormônios reprodutivos (PREISLER *et al.*, 2000; STABEL *et al.*, 2003).

O relaxamento vulvar e a dilatação cervical observados durante e após o parto favorecem a ascensão de micro-organismos para o lúmen uterino, resultando no estabelecimento de processos infecciosos em 80% a 100% das vacas nos primeiros 14 a 21 dias pós-parto (SHELDON *et al.*, 2009; ISLAM *et al.*, 2013). A expansão sofrida pelo canal do parto, compromete a eficiência de suas barreiras anatômicas físicas e nota-se que, até 96 horas após o parto, a cérvix mantém grau de dilatação suficiente para permitir a introdução de até dois dedos à palpação, o que favorece a exposição do lúmen uterino (SINGH *et al.*, 2008).

Os animais mais susceptíveis ao desenvolvimento de infecções uterinas são aqueles de alta produção (GALVÃO *et al.*, 2011) ou que apresentaram histórico de distocia e retenção de placenta (condição definida pela não eliminação das membranas fetais após 12 horas pós-parto) (ISHIKAWA *et al.*, 2004). Diversos fatores de risco no periparto elevam à susceptibilidade a essas afecções, destacando-se as intercorrências obstétricas (gestação gemelar, nascimento de machos, abortos, natimortos e maceração fetal), prolapso uterino, a primiparidade, além de desordens metabólicas como a cetose e a hipocalcemia (MULLIGAN *et al.*, 2008; GALVÃO,

2013; ESPOSITO et al., 2014).

Nesse contexto, variações na composição da microbiota uterina são atribuídas a diferenças anatômicas, ao tempo de involução uterina, às adaptações metabólicas, à ordem de parição e à resistência bacteriana. Em relação à ordem de parto, fêmeas primíparas exibiram um perfil bacteriano uterino distinto daquele observado em múltíparas, caracterizado por maior abundância significativa de bactérias dos gêneros *Bacillus* e *Fusobacterium*, acompanhada por menor proporção dos gêneros *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Staphylococcus* e *Paracoccus*, além da família *Neisseriaceae* (PASCOTTINI, et al., 2021). Além de que, na ocorrência de partos mais longos e difíceis, fêmeas primíparas apresentaram maior contaminação bacteriana devido ao aumento do trauma e proliferação de neutrófilos (PASCOTTINI et al., 2021).

Ao avaliarem o período pós-parto imediato, Bicalho et al. (2017) observaram maior diversidade microbiológica, contudo associada a menores contagens bacterianas totais, em amostras vaginais de vacas múltíparas quando comparadas às primíparas. Segundo PASCOTTINI et al. (2021), as divergências microbiológicas observadas entre as ordens de parto podem ser justificadas pela presença de uma microbiota residente persistente em vacas múltíparas. Adicionalmente, variações anatômicas e na dinâmica de involução uterina entre fêmeas múltíparas e primíparas influenciam o fluxo microbiano entre vagina e útero, e nesse sentido, as alterações fisiológicas decorrentes do parto também contribuem para a alteração da microbiota uterina.

Desse modo, o presente estudo teve como objetivo analisar o efeito da ordem de parição no isolamento bacteriano no fundo vaginal de vacas leiteiras mestiças mantidas confinadas em região tropical durante o pós-parto imediato.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Alterações Periparto de Bovinos e sua Predisposição à Infecção Uterina

O periparto é o período compreendido entre o final da gestação e o pós-parto. Sabe-se que, é um período crítico pois ocorrem inúmeras alterações fisiológicas e hormonais que afetam diretamente a saúde e desempenho do animal, exigindo que seu organismo se adapte. Devido a imunossupressão que o animal sofre neste período, tem-se a ocorrência de distúrbios metabólicos, além de algumas doenças infecciosas como a metrite puerperal (DRACKLEY, 1999). Dessa forma, a falha na adaptação a essas mudanças pode resultar no desenvolvimento de doenças clínicas no período pós-parto.

A ocorrência de uma transição inadequada no período periparto comumente acarreta grandes prejuízos econômicos para os produtores de leite devido à redução da produção e da eficiência reprodutiva, uma vez que, ocorre uma elevada demanda de energia e nutrientes necessária para a síntese de colostro e leite, que em conjunto com a diminuição da ingestão de alimentos, influencia as vacas em transição a entrarem em balanço energético negativo (BEN) e deficiências de micronutrientes. Dessa forma, se o animal não responde bem a adaptação do período de transição, distúrbios infecciosos e metabólicos podem ocorrer e afetar a eficiência produtiva e reprodutiva (WANKHADE *et al.*, 2017).

Distúrbios reprodutivos como distocia, retenção de placenta e infecções uterinas foram relatados em 7,8 a 16,8%, 2,8 a 12,6% e 6,7 a 19,2%, respectivamente, em rebanhos de alta produção (WANKHADE *et al.*, 2017). No entanto, alguns dos fatores de risco associados a doenças clínicas pós-parto têm sua origem antes mesmo do parto (WISNIESKI *et al.*, 2019). Dessa forma, estudos envolvendo vacas no pré-parto frequentemente avaliam fatores de risco para doenças de transição, com foco na determinação de associações entre esses fatores e os desfechos da doença no período pós-parto (WISNIESKI *et al.*, 2019).

É proposto que a metrite puerperal está associada a uma disbiose da microbiota uterina, caracterizada por diminuição da diversidade bacteriana e pelo aumento de espécies de bactérias causadoras da enfermidade (GALVÃO, *et al.*, 2019).

Em nível de gênero, *Bacteroides*, *Porphyromonas* e *Fusobacterium* parecem agir sinergicamente para causar metrite. Em nível de espécie, foram identificados *Bacterium pyogenes*, *Porphyromonas levii* e *Haemophilus ovis* como potenciais patógenos uterinos emergentes, e foi confirmado *Fusobacterium necrophorum* como uma das principais espécies associadas à doenças uterinas (GALVÃO, *et al.*, 2019).

Além disso, a *Escherichia coli* frequentemente tem sido apontada como o principal patógeno responsável por iniciar infecções ou inflamações uterinas no pós-parto, perturbando o equilíbrio natural da microbiota uterina e favorecendo o aparecimento de bactérias anaeróbias oportunistas que levam ao desenvolvimento da metrite puerperal (BICALHO *et al.*, 2017).

2.2 Metrite puerperal: Etiologia e Impactos na Fertilidade

A metrite puerperal é uma doença infecciosa que atinge grande parte dos rebanhos leiteiros, sendo uma causa frequente de infertilidade e subfertilidade nestes rebanhos. (GARZON *et al.*, 2022). De acordo com Sheldon *et al.* (2009), o comprometimento do trato reprodutivo por processos infecciosos prejudica a eficiência das matrizes, podendo culminar na perda da capacidade reprodutiva e no consequente descarte dessas vacas do sistema de produção.

Embora o trato reprodutivo bovino esteja naturalmente preparado para eliminar patógenos durante as semanas subsequentes ao parto, o número de bactérias patogênicas no útero de vacas no pós-parto pode ser grande o suficiente para sobrecarregar os mecanismos de defesa uterina e causar infecções com risco de vida (SHELDON *et al.*, 2004).

Nessa perspectiva, são caracterizadas como quadros de metrite puerperal aguda, vacas com útero aumentado, secreção vaginal fétida, aquosa e vermelho-acastanhada, febre e sinais de doença sistêmica dentro de 21 dias pós-parto (GIULIODORI *et al.*, 2013). Essa doença é resultado da interação de fatores extrínsecos e intrínsecos, ou seja, possui etiologia multifatorial, nesse contexto, a metrite puerperal é entendida como a infecção uterina que afeta todas as camadas do útero (endométrio, os tecidos glandulares e as camadas musculares) durante o pós-parto (ARAÚJO e WERLE, 2024).

Alguns dos fatores intrínsecos tradicionalmente associados à metrite puerperal incluem a primiparidade, partos gemelares, ocorrência de natimortos, aborto, prolapso uterino, retenção placentária, cetose e hipocalcemia, além do desafio metabólico sofrido no periparto (GALVÃO, 2018). Já os fatores extrínsecos estão diretamente relacionados com a influência do ambiente e manejo (GALVÃO, 2018). Desse modo, os meses de inverno também podem constituir fatores de risco, devido à umidade e ao maior número de partos. Ademais, o estresse térmico decorrente das épocas mais quentes do ano também pode atuar sobre o sistema imune destes animais e gerar alterações importantes (GONÇALVES *et al.*, 2022).

Existem 3 diferentes graus em que se pode classificar a metrite puerperal. O grau 1 é caracterizado por um útero aumentado de tamanho associado à descarga uterina purulenta e

fétida, além de atraso na involução uterina, porém, sem apresentar sinais sistêmicos. Enquanto isso, no grau 2, irão ocorrer as mesmas alterações do grau 1, além de outros sintomas como febre, apatia e redução na produção de leite. Por fim, o grau 3 é caracterizado por ser a forma mais severa da metrite puerperal aguda, sendo que, neste caso, o animal apresenta um quadro de toxemia no qual observa-se decúbito, depressão, anorexia, desidratação grave (10–12%), alterações cardiovasculares (aumento do tempo de preenchimento capilar – TPC e taquicardia) e respiratórias (taquipneia) e extremidades frias, sendo necessária uma intervenção veterinária rápida e intensiva (GALVÃO *et al.*, 2019; SHELDON *et al.*, 2006;).

Na reprodução, vacas que apresentaram metrite puerperal tiveram a taxa de prenhez menor quando comparadas a vacas saudáveis. Além disso, vacas que apresentaram quadros de metrite puerperal mostraram intervalo de partos maior e menor taxa de concepção do que em relação a animais saudáveis (GIULIODORI *et al.*, 2013). O aumento do intervalo de partos se torna um problema, uma vez que o objetivo do manejo reprodutivo é que as vacas se tornem gestantes no momento biologicamente ideal e em um intervalo economicamente vantajoso após o parto (SHELDON *et al.*, 2006). Adicionalmente, de acordo com Giuliodori *et al.* (2013), vacas multíparas apresentam menor probabilidade de desenvolver metrite do que as primíparas do mesmo rebanho.

Segundo Gonçalves *et al.* (2022), a metrite puerperal é uma doença de carácter agudo que pode se tornar muito severa e determinar de maneira precoce o óbito do animal se não for diagnosticada e tratada a tempo. Ademais, pode haver um elevado impacto econômico negativo decorrente desta enfermidade. Isso se deve, principalmente, à queda na produção de leite e ao comprometimento do desempenho reprodutivo, evidenciados pelo retorno da atividade ovariana pós-parto e diminuição da taxa de prenhez, que refletem no prolongamento do intervalo entre parto e concepção.

2.3 Relação entre ordem de parição e doenças uterinas

Durante o parto, ocorre o relaxamento e a dilatação das barreiras anatômicas do trato reprodutivo posterior das fêmeas, constituídas pela vulva, vagina e cérvix, o que expõe o ambiente uterino a microrganismos oportunistas (SHELDON *et al.*, 2006). Tais alterações, podem apresentar anormalidades que, subsequentemente, comprometem a eficiência reprodutiva ou culminam na esterilidade da vaca (MORROW *et al.*, 1969; FONSECA *et al.*, 1983; OLTENACU *et al.*, 1983). Segundo González Sánchez *et al.* (1999) é fundamental o entendimento da dinâmica fisiológica da involução uterina e a identificação precoce dos

processos patológicos que podem afetá-la, visto que tais processos reduzem a fertilidade subsequente da fêmea.

Há trabalhos que descrevem uma tendência de prolongamento no período de involução uterina conforme a ordem de partos aumenta em vacas taurinas de aptidão leiteira (MORROW *et al.*, 1969; VASCONCELOS *et al.*, 1993). Alterações fisiológicas ocorridas no útero decorrentes do avanço da idade reprodutiva e do maior número de partições incluem o desenvolvimento de fibrose, relaxamento das células musculares e perda de tônus dos ligamentos de sustentação, fatores estes que culminam na redução da contratilidade miometrial durante o processo de involução uterina (LEBLANC *et al.*, 1995, 1998; GONZÁLES SANCHÉZ *et al.*, 2008). Sabe-se que, a contratilidade do miométrio após o parto atua como um mecanismo crucial de defesa física, uma vez que promove eliminação do conteúdo uterino e essa ação mecânica viabiliza a eliminação de fluidos além de desfavorecer a multiplicação bacteriana (AZAWI, 2008).

Neste contexto, fêmeas bovinas com puerpério fisiológico apresentam rápida involução do útero e da cérvix, processo este que é acompanhado pela depuração da carga bacteriana via eliminação de lóquios promovida por contrações miometriais (AZAWI, 2008). Assim, falhas na drenagem deste conteúdo uterino tendem a acometer mais fêmeas múltiparas e de idade avançada, e, geralmente, estão associadas a quadros de subfertilidade, assim como foi observado em experimentos conduzidos em equinos por LeBlanc *et al.* (1995, 1998).

Ademais, a maior suscetibilidade à contaminação bacteriana observada em vacas primíparas pode ser atribuída à maior duração ou dificuldade do parto. Uma vez que, esse processo pode induzir traumas teciduais mais severos e comprometer a função dos neutrófilos. (DHAKAL K *et al.*, 2013; JOHANSON JM *et al.*, 2003). Em contrapartida, as demandas metabólicas e a elevada produção leiteira observadas em vacas múltiparas podem influenciar significativamente o perfil e a dinâmica da população bacteriana uterina (PASCOTTINI *et al.*, 2020). Nesse sentido, ainda segundo Pascottini *et al.* (2020) adaptações metabólicas causadas pela alta produção de leite em vacas múltiparas são mais intensas e prolongadas, exercendo papel importante no desenvolvimento de doenças uterinas no pós-parto.

Segundo estudos de Bonneville-Hébert *et al.* (2011), a incidência de problemas reprodutivos como a repetição de estro e retenção placentária aumentam com a paridade, além disso, o complexo de metrite (metrite clínica, endometrite e piometra) é mais prevalente em vacas de quarta paridade, evidenciando o impacto direto do número de partos na suscetibilidade a doenças uterinas.

2.4 Desafios do uso de antibióticos e a resistência antimicrobiana na produção animal

O microbioma uterino em condições de normalidade caracteriza-se por uma diversidade microbiana equilibrada e sob rigoroso controle fisiológico. Observa-se que o corpo do útero exibe uma riqueza de espécies discretamente superior àquela encontrada nos cornos uterinos, mantendo, em ambas as regiões, um perfil taxonômico estável. Foram o isolados com frequência gêneros pertencentes a famílias como Lachnospiraceae e Oscillospiraceae, que participam da modulação local e do estímulo basal do sistema imune sem desencadear patologias (MOORE *et al.*, 2017).

Estudos demonstraram que, em vacas saudáveis, a comunidade bacteriana possui prevalência de quatro grandes filos, com destaque para *Firmicutes*, que constituem o filo mais abundante no útero saudável e englobam várias bactérias gram-positivas benéficas ou comensais adaptadas ao equilíbrio da mucosa (MERKELYTE, *et al.*, 2026). Destacam-se também as proteobactérias, presentes em proporções moderadas e que compõem a base do microbioma uterino sem causar processos inflamatórios deletérios (ADNANE; CHAPWANYA, 2024). Além de bacteroidetes e actinobactérias que são encontrados em menor quantidade ou com menor diversidade em animais saudáveis quando comparados àqueles que desenvolvem infecções uterinas. Segundo Santos *et al.* (2011), a classe *Gammaproteobacteria* é predominante em vacas leiteiras saudáveis, enquanto que, em vacas leiteiras com metrite a *Fusobacteria* foi o grupo mais predominante.

Sabe-se que a resistência antimicrobiana ocorre quando as bactérias se adaptam e, consequentemente, tornam-se resistentes aos efeitos dos antibióticos, o que torna o tratamento da enfermidade mais complexo e prolongado. A eficácia dos tratamentos é comprometida pelo uso excessivo de medicamentos, resultando em uma pressão seletiva que ultrapassa a inovação farmacológica. Consequentemente, observam-se um aumento na letalidade de enfermidades comuns e um impacto financeiro negativo no setor pecuário. Os mecanismos de resistência bacteriana são potencializados pelo uso inadequado de antimicrobianos, uma vez que a administração de medicamentos sem a devida indicação clínica, ou em doses e períodos insuficientes, compromete a eficácia terapêutica e favorece a seleção de cepas resistentes (SANTOS *et al.*, 2025).

A resistência bacteriana representa um desafio crítico para a clínica e a saúde pública, existindo evidências de que o uso indiscriminado de antimicrobianos na produção animal torna os produtos e derivados vetores de resistência para seres humanos. Nesse contexto, o isolamento

e a identificação laboratorial desses patógenos tornam-se indispensáveis para o monitoramento estratégico e a mitigação da resistência antimicrobiana (MOTA *et al.*, 2005). Por isso é importante a conscientização dos produtores rurais a respeito da correta utilização dos antimicrobianos nas propriedades leiteiras (RIBEIRO *et al.*, 2014).

Existem dois caminhos principais para o desenvolvimento da resistência bacteriana: o intrínseco e o adquirido. A resistência intrínseca é determinada por fatores estruturais fixos, exemplifica-se pela resistência de bactérias gram-negativas a glicopeptídeos devido à barreira física de sua membrana. Já a resistência adquirida ocorre via alterações genômicas, seja por mutações ao acaso ou pela aquisição de material genético externo via bacteriófagos (transdução), captura de DNA (transformação) ou contato célula a célula (conjugação), este último considerado o processo de maior relevância epidemiológica (GOTTARDO *et al.*, 2021).

No tratamento de infecções uterinas como a metrite puerperal aguda, a terapia antimicrobiana sistêmica é indispensável e deve ser associada a tratamentos de suporte (GALVÃO, 2012). O uso sistêmico do cloridrato de ceftiofur apresentou elevada eficácia no combate à metrite puerperal aguda, promovendo a remissão da febre e o incremento das taxas de cura clínica. Esse fármaco destaca-se pela ação rápida contra patógenos gram-negativos e anaeróbios, além de evitar o risco de irritação endometrial comumente associado às antigas infusões locais (GALVÃO, 2009).

A oxitetraciclina é amplamente empregada no tratamento de afecções uterinas pós-parto em bovinos devido ao seu amplo espectro de ação contra bactérias Gram-positivas e Gram-negativas comumente envolvidas na infecção do lúmen uterino (DRILLICH *et al.*, 2001). Entretanto, seu uso exige rigorosa atenção aos períodos de carência para o leite e à seleção de cepas bacterianas resistentes, o que tem direcionado a preferência clínica por antimicrobianos de menor impacto residual em vacas leiteiras (GALVÃO, 2013).

Contudo, diante da crescente pressão para reduzir o uso de fármacos tradicionais e mitigar a disseminação de cepas resistentes, surge a necessidade de estratégias preventivas baseadas em mecanismos biológicos. Nesse cenário, o uso de bactérias probióticas apresenta-se como uma alternativa promissora, uma vez que esses microrganismos atuam na modulação da microbiota uterina, fortalecendo as defesas naturais do epitélio endometrial e dificultando a colonização por patógenos oportunistas no pós-parto.

2.5 O Uso de Probióticos e seu Potencial de Modulação da Microbiota Uterina

A utilização de probióticos na agricultura visa atuar como uma estratégia para o fortalecimento da imunidade e o controle de patógenos, além de prevenir infecções bacterianas, e dessa forma, refletir em melhores índices produtivos. Contudo, pesquisas sugerem que a atuação desses probióticos possui um espectro mais amplo, oferecendo vantagens à saúde que complementam sua eficácia na prevenção de desordens reprodutivas, como a metrite puerperal e a endometrite (MADUREIRA *et al.*, 2023). Nesse contexto, o uso de probióticos surge como uma alternativa ao uso excessivo e indiscriminado de antibióticos, uma vez que, promove maior equilíbrio microbiano e fortalecimento imunológico (WALTER *et al.*, 2025).

Os probióticos possuem um impacto positivo na saúde do hospedeiro, uma vez que atuam como reguladores da microbiota e possuem competência para manter as defesas naturais do hospedeiro reguladas. Além disso, através da expansão das populações bacterianas benéficas limitam a adesão de patógenos nas superfícies epiteliais (GUILLOT, 2001).

Existem comprovações de que há uma relação benéfica entre o uso de probióticos intravaginais e a redução do risco de incidência de metrite puerperal, mas o manejo realizado na fazenda também influencia no resultado desse uso. Ademais, os probióticos podem se consolidar como uma ferramenta estratégica pela sua eficácia na prevenção de infecções uterinas e no potencial de reduzir a dependência de intervenções hormonais para a inseminação. Essa abordagem favorece o estabelecimento de um ambiente uterino saudável e funcional de forma mais natural (MADUREIRA *et al.*, 2023).

Em um estudo realizado anteriormente, o resultado obtido após a utilização de 6 doses de um coquetel contendo 3 tipos de bactérias ácido lácticas isoladas do trato vaginal de vacas saudáveis, durante o período em torno do parto, teve como resultado a redução da incidência de secreção vaginal purulenta e uma melhora das taxas de concepção em vacas multíparas (AMETAJ *et al.*, 2014).

A administração intravaginal de 2 ou 3 doses de bactérias ácido lácticas (LAB), aceleraram a involução uterina de vacas leiteiras no pós-parto, conforme indicado pela menor área de secção transversal (CSA) do corno uterino gravídico e do corpo uterino no 14º dia em vacas tratadas com LAB (DENG *et al.*, 2015).

De acordo com Genís *et al.* (2018), determinadas cepas de lactobacilos possuem a capacidade de modular a resposta inflamatória endometrial, auxiliando na mitigação dos impactos deletérios das infecções uterinas sobre o desempenho reprodutivo. Além disso, MADUREIRA *et al.* (2023) relatou que o protocolo de aplicação intravaginal de probióticos,

realizado bissemanalmente durante as três semanas pré-parto, demonstrou ser eficaz na redução da incidência de metrite puerperal e endometrite crônica.

No contexto da saúde uterina bovina, a aplicação desse princípio durante o pós-parto imediato é estratégica, visto que a abertura da cérvix cria um ambiente propício à colonização por patógenos oportunistas. Ao estabelecer uma microbiota probiótica densa e diversa no lúmen uterino, promove-se uma barreira biológica que impede a fixação de agentes causadores da metrite puerperal, preservando a integridade das células epiteliais endometriais.

3. METODOLOGIA

3.1 Local de coleta e animais

O estudo foi realizado em uma fazenda comercial localizada em Uberlândia, Minas Gerais. A propriedade é uma unidade de produção leiteira que adota o sistema Compost barn, e realiza três ordenhas diárias (12hs às 19hs, 20hs às 3hs e 4hs às 11hs).

O rebanho é composto por 1.470 vacas lactantes mestiças Holandês/Gir com produção de 36,5 Kg de leite/dia. Vacas primíparas e múltíparas são mantidas confinadas em Compost barn, recebendo silagem de milho com suplementação concentrada.

3.2 Coleta de amostras

Entre dezembro de 2025 e julho de 2026, foram avaliadas 100 vacas. As amostras de descarga vaginal foram coletadas com Metrichheck®, instrumento veterinário de aço inoxidável que possui uma ponta de borracha atóxica. Foram avaliadas vacas 0 e 3 dias do pós-parto (DPP).

Os animais foram contidos num centro de manejo, na saída da sala de ordenha, e foi feita a higienização da vulva com álcool e papel toalha, antes de cada coleta. O dispositivo Metrichheck® foi inserido no fundo de vagina das vacas e trazido de volta com movimentos ascendentes e descendentes para recolher a amostra de muco. O Metrichheck® foi mantido imerso em solução de CB-30 com água no intervalo das coletas e higienizado com álcool antes de cada coleta. As amostras foram armazenadas em tubos estéreis e refrigeradas. Em seguida foram transportadas de imediato ao Laboratório da INATA Ltda.

3.3 Análises laboratoriais

Para o cultivo das amostras, com o auxílio de um swab foi realizado esfregaço do conteúdo coletado em um terço das placas e depois estriado com uma alça bacteriológica. Os meios utilizados foram ágar Sangue, um meio não seletivo indicado para o cultivo de bactérias em geral; e ágar MacConkey, meio seletivo diferencial para crescimento e identificação de enterobactérias. Além disso, uma das placas de ágar Sangue foi incubada em jarra de anaerobiose para crescimento de bactérias anaeróbicas estritas. E outra placa de ágar sangue foi incubada em aerobiose junto com a de ágar MacConkey, todas em estufa a 37°C por 48 horas. Após o primeiro inóculo as colônias suspeitas foram isoladas e repicadas nos seguintes meios de cultura: ágar Sangue, ágar MacConkey e ágar Chromogênico (utilizado para o auxílio na diferenciação de colônias por diferença de cor) e incubadas em atmosfera de acordo com a suspeita, em estufa a 37°C por 48 horas sob atmosfera adequada à bactéria suspeita. A triagem das colônias baseou-se em características fenotípicas, testes bioquímicos de catalase e oxidase e análise morfotintorial. As espécies de bactérias foram caracterizadas pelo método MALDI-TOF MS.

3.4 Análises de dados

Foram coletados os seguintes dados: número do animal, data do parto, data da coleta e bactérias isoladas e identificadas. Foi realizada uma análise descritiva dos dados, para isso os dados obtidos foram tabulados e analisados com o auxílio de planilhas do Microsoft Excel. Foi calculado a taxa de isolamento de cada espécie bacteriana e a distribuição das amostras pelo número de espécies isoladas de acordo com a paridade das vacas, que foram categorizadas em: primíparas, secundíparas, 3 partos e 4 ou mais partos. As tabelas e gráficos foram feitas por meio do Microsoft Word, com os dados tabulados no Excel.

4. RESULTADOS

Foram colhidas amostras de 100 vacas, distribuídas em 4 grupos de acordo com a quantidade de partos ocorridos. Desse modo, 43 animais foram caracterizados como fêmeas primíparas (primeiro parto), 21 como fêmeas secundíparas (2 partos), 15 como fêmeas de terceira parição e outras 21 como fêmeas de quarta ou mais partições. Em cada grupo, as espécies de bactérias foram identificadas e quantificadas de acordo com a taxa de isolamento bacteriano e em seguida, foi feita a distribuição das amostras por porcentagem de isolamento e segundo o

número de espécies bacterianas isoladas, separando-as de 1 a maior ou igual a 5, distribuídos de acordo com a paridade.

Nas fêmeas primíparas (n=43), a taxa de isolamento bacteriano variou de 2,33% a 72,09% (Tabela 1). A espécie bacteriana mais prevalente na população de primíparas foi o *Streptococcus dysgalactiae*, presente em 72,09% (31/43) das amostras, seguida pela *Escherichia coli*, que apresentou a segunda maior taxa de isolamento, estando presente em 65,12% (28/43) amostras e, por conseguinte, o *Histophilus somni*, presente em 39,53% (17/43) das amostras. Outros agentes com prevalência menor incluíram o *Streptococcus uberis* (34,88%; 15/43), *Streptococcus pluranimalium* (20,93%; 9/43), *Staphylococcus chromogenes* (16,28%; 7/43) e *Trueperella pyogenes* (11,63%; 5/43). Com menor frequência de isolamento, abaixo de 10%, destacaram-se *Clostridium perfringens* e *Leveduras*, ambos com taxa de 9,30% (4/43), seguidos por *Mannheimia caviae* (6,98%; 3/43). Além disso, foram observadas, com prevalência abaixo de 5% *Klebsiella pneumoniae* e *Staphylococcus aureus*, com taxa de isolamento de 4,65% (2/43), além de *Mammaliicoccus sciuri* e *Proteus* spp., cada um presente em 2,33% (1/43) das fêmeas avaliadas. Por fim, 44,19% (19/43) das amostras apresentaram espécies bacterianas não identificadas (Tabela 1).

Tabela 1. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas primíparas

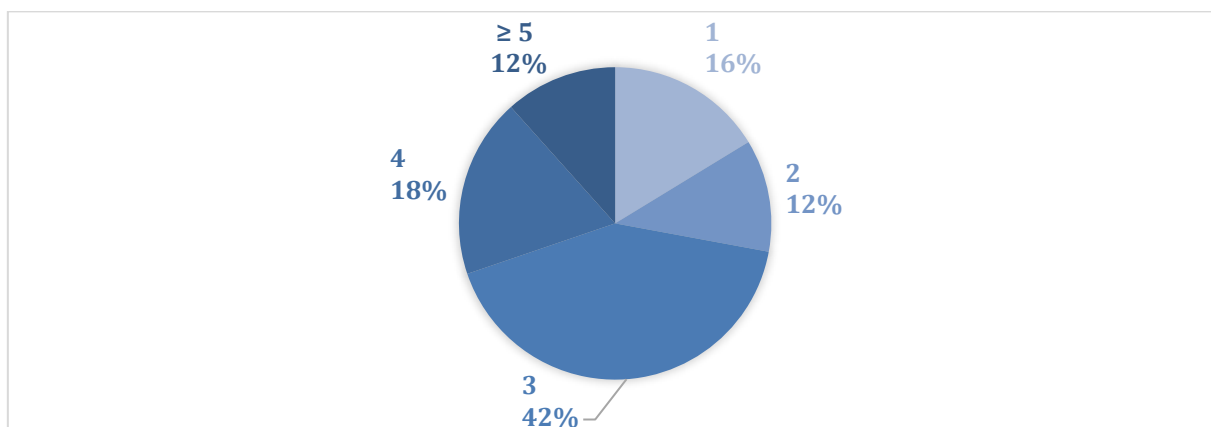
Espécie de Bactéria Identificada	Taxa de Isolamento Bacteriano
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	72,09% (31/43)
<i>Escherichia coli</i>	65,12% (28/43)
<i>Histophilus somni</i>	39,53% (17/43)
<i>Streptococcus uberis</i>	34,88% (15/43)
<i>Streptococcus pluranimalium</i>	20,93% (9/43)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	16,28% (7/43)
<i>Trueperella pyogenes</i>	11,63% (5/43)
<i>Clostridium perfringens</i>	9,30% (4/43)
<i>Leveduras</i>	9,30% (4/43)
<i>Mannheimia caviae</i>	6,98% (3/43)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4,65% (2/43)
<i>Staphylococcus aureus</i>	4,65% (2/43)
<i>Mammaliicoccus sciuri</i>	2,33% (1/43)
<i>Proteus</i> spp.	2,33% (1/43)
<i>Staphylococcus hominis</i>	2,33% (1/43)
Não identificadas	44,19% (19/43)

Fonte: A própria autora

A respeito da microbiota presente nas amostras, segundo o número de espécies bacterianas isoladas por amostra, a condição mais frequente nas fêmeas primíparas foi o isolamento de 3 bactérias, representando 42% de um total de 43 amostras (Gráfico 1). Dessas

43 amostras coletadas, em 16% foi isolada apenas 1 espécie bacteriana, enquanto 12% exibiram isolamento de 2 espécies bacterianas distintas. Adicionalmente, em 18% das amostras foram isoladas 4 espécies bacterianas variadas e 12% apresentaram 5 ou mais espécies bacterianas isoladas (Gráfico 1).

Gráfico 1. Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas primíparas durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas



Fonte: A própria autora

Nota: $n = 43$ amostras coletadas. No gráfico 1, os valores numéricos externos indicam o número de bactérias distintas identificadas em uma mesma amostra, enquanto os valores percentuais representam a proporção de amostras com esse perfil de isolamento microbiológico.

Nas fêmeas bovinas secundíparas (de segundo parto), foram isoladas e identificadas bactérias de 21 amostras totais, com taxas de isolamento variando de 4,76% a 76,19% (Tabela 2). Notou-se maior prevalência de bactérias da espécie *Escherichia coli*, sendo representada por 76,19% (16/21) das espécies identificadas, seguida de *Streptococcus suis*, presente em 47,62% (10/21) dos animais e *Streptococcus dysgalactiae* com a terceira maior taxa de isolamento, de 42,86% (9/21). Foram identificadas ainda outras espécies com taxas de isolamento bacteriano um pouco menores, como a *Mannheimia varigena* (33,33%; 7/21) e *Staphylococcus chromogenes* (23,81%; 5/21). As espécies *Histophilus somni*, *Streptococcus pluranimalium* e *Trueperella pyogenes* apresentaram taxas de isolamento similares, sendo estas de 19,05% (4/21). Por sua vez, *Mammaliicoccus sciuri*, *Pasteurella multocida*, *Proteus spp.* e *Streptococcus uberis*, também demonstraram taxas de isolamento bacteriano semelhantes, estando presentes em 9,52% (2/21) dos animais. Taxas de isolamento abaixo de 5% foram registradas para *Clostridium perfringens*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus mitis*, representadas por 4,76% (1/21) e por fim, 9,52% (2/21) foram espécies bacterianas não identificadas (Tabela 2).

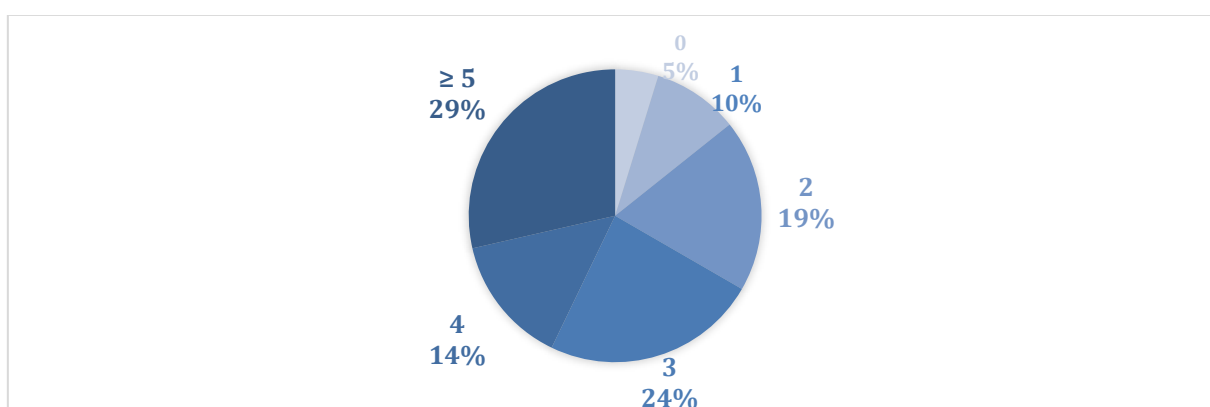
Tabela 2. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas secundíparas

Espécie de Bactéria Identificada	Taxa de Isolamento Bacteriano
<i>Escherichia coli</i>	76,19% (16/21)
<i>Streptococcus suis</i>	47,62% (10/21)
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	42,86% (9/21)
<i>Mannheimia varigena</i>	33,33% (7/21)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	23,81% (5/21)
<i>Histophilus somni</i>	19,05% (4/21)
<i>Streptococcus pluranimalium</i>	19,05% (4/21)
<i>Trueperella pyogenes</i>	19,05% (4/21)
<i>Mammaliicoccus sciuri</i>	9,52% (2/21)
<i>Pasteurella multocida</i>	9,52% (2/21)
<i>Proteus spp.</i>	9,52% (2/21)
<i>Streptococcus uberis</i>	9,52% (2/21)
<i>Clostridium perfringens</i>	4,76% (1/21)
<i>Staphylococcus aureus</i>	4,76% (1/21)
<i>Streptococcus mitis</i>	4,76% (1/21)
Não identificadas	9,52% (2/21)

Fonte: A própria autora

De acordo com o número de espécies bacterianas isoladas em fêmeas bovinas secundíparas, na distribuição das amostras (21 amostras), houve prevalência de 5 ou mais bactérias em 29% delas (Gráfico 2). Em contrapartida, 5% das amostras não apresentaram presença de nenhuma espécie bacteriana. Além disso, em 10% das amostras somente 1 espécie bacteriana foi encontrada, seguida do isolamento de 2 tipos diferentes de bactérias em 19% das amostras. Notou-se ainda que, 3 bactérias distintas foram identificadas em 24% das amostras, enquanto que, em 14%, 4 espécies bacterianas foram isoladas (Gráfico 2).

Gráfico 2. Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas secundíparas durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas



Fonte: A própria autora

Nota: $n = 21$ amostras coletadas. No gráfico 2, os valores numéricos externos indicam o número de bactérias distintas identificadas em uma mesma amostra, enquanto os valores percentuais representam a proporção de amostras com esse perfil de isolamento microbiológico

Em fêmeas bovinas de terceira parição, foram isoladas bactérias de 15 animais diferentes, com taxas de isolamento identificadas que variam de 6,67% a 80,00% (Tabela 3). Nestes animais, a espécie bacteriana de maior prevalência foi a *Escherichia coli*, com presença em 80% (12/15) dos animais. O *Streptococcus dysgalactiae*, *Streptococcus uberis* e a *Mannheimia varigena* são as bactérias com maiores prevalências depois da *Escherichia coli*, possuindo taxas de isolamento semelhantes, de 46,67% (7/15). Em seguida, a *Escherichia fergusonii* e o *Staphylococcus chromogenes*, também obtiveram taxas de isolamento idênticas, de 26,67% (4/15). Outras espécies bacterianas com taxas de isolamento inferiores também foram identificadas, sendo estas, o *Clostridium perfringens*, *Proteus spp.* e a *Trueperella pyogenes*, todas com taxas de isolamento de 20% (3/15), além do *Histophilus somni* (13,33%; 2/15). Todas as outras espécies bacterianas obtiveram taxas de isolamento semelhantes, de 6,67% (1/15), e foram identificadas como *Ligilactobacillus salivarius*, *Mammaliicoccus sciuri*, *Mannheimia caviae*, *Pasteurella multocida*, *Salmonella spp.*, *Staphylococcus aureus* e *Streptococcus pluranimalium*. Por fim, 6,67% (1/15) das espécies de bactérias não foram identificadas (Tabela 3).

Tabela 3. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas de terceiro parto

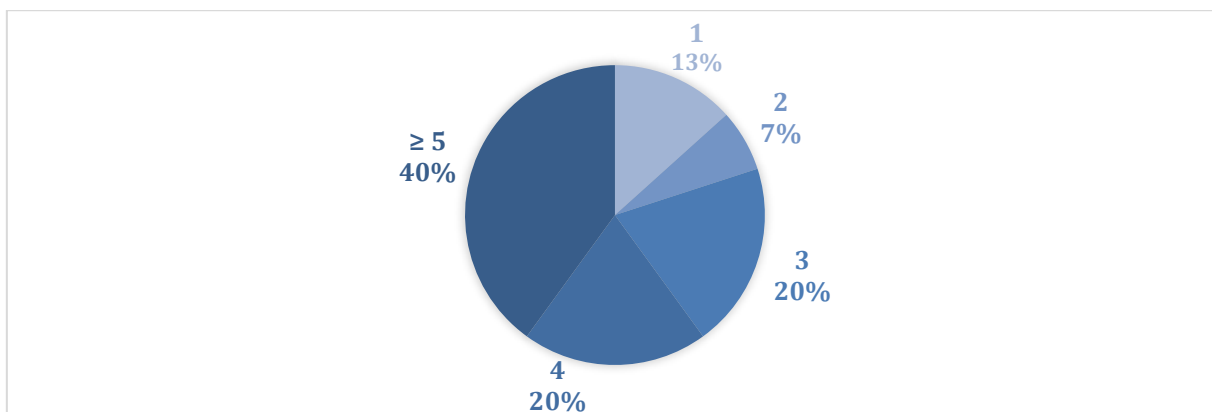
Espécie de Bactéria Identificada	Taxa de Isolamento Bacteriano
<i>Escherichia coli</i>	80,00% (12/15)
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	46,67% (7/15)
<i>Streptococcus uberis</i>	46,67% (7/15)
<i>Mannheimia varigena</i>	46,67% (7/15)
<i>Escherichia fergusonii</i>	26,67% (4/15)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	26,67% (4/15)
<i>Clostridium perfringens</i>	20,00% (3/15)
<i>Proteus spp</i>	20,00% (3/15)
<i>Trueperella pyogenes</i>	20,00% (3/15)
<i>Histophilus somni</i>	13,33% (2/15)
<i>Ligilactobacillus salivarius</i>	6,67% (1/15)
<i>Mammaliicoccus sciuri</i>	6,67% (1/15)
<i>Mannheimia caviae</i>	6,67% (1/15)
<i>Pasteurella multocida</i>	6,67% (1/15)
<i>Salmonella spp.</i>	6,67% (1/15)
<i>Staphylococcus aureus</i>	6,67% (1/15)
<i>Streptococcus pluranimalium</i>	6,67% (1/15)
Não identificada	6,67% (1/15)

Fonte: A própria autora

De acordo com o número de espécies bacterianas isoladas em fêmeas bovinas de terceira parição (15 animais), houve prevalência de 5 ou mais espécies distintas em 40% das amostras, sendo esta a maior proporção (Gráfico 3). Das 15 amostras analisadas, em 13% foram isoladas

apenas 1 espécie bacteriana, enquanto que em 7% das amostras foram encontradas 2 bactérias distintas. Além disso, o isolamento de 3 e 4 espécies bacterianas apresentou frequências idênticas, sendo ambas isoladas em 20% das amostras cada uma (Gráfico 3).

Gráfico 3. Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas de terceiro parto durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas



Fonte: A própria autora

Nota: $n = 15$ amostras coletadas. No gráfico 3, os valores numéricos externos indicam o número de bactérias distintas identificadas em uma mesma amostra, enquanto os valores percentuais representam a proporção de amostras com esse perfil de isolamento microbiológico.

Em fêmeas bovinas de quarta parição, foram isoladas bactérias de 21 animais, que apresentaram taxas de isolamento bacteriano que variam de 4,76% a 61,9% (Tabela 4). Notou-se prevalência de isolamento de bactérias da espécie *Escherichia coli* com taxa de isolamento de 61,9% (13/21), seguida pelo *Streptococcus dysgalactiae*, que apresentou a segunda maior porcentagem, estando presente em 52,38% (11/21) dos animais e, depois pelo *Staphylococcus chromogenes* que obteve taxa de isolamento bacteriano de 47,62% (10/21). Com menores taxas de isolamento, foram identificadas bactérias da espécie *Pasteurella multocida*, em 28,57% (6/21) dos animais. Em seguida, várias espécies bacterianas com a mesma taxa de isolamento foram identificadas, sendo estas, o *Lysinibacillus fusiformis*, o *Streptococcus pluranimalium*, o *Streptococcus uberis* e a *Trueperella pyogenes*, todas com 19,05% (4/21). Por conseguinte, o *Histophilus somni*, assim como *Proteus spp.* foram isolados em mesma quantidade (14,29%; 3/21). Ademais, espécies bacterianas como *Leveduras*, *Mannheimia varigena*, *Staphylococcus aureus* e *Staphylococcus hyicus*, foram todas identificadas em 9,52% (2/21) das vacas. E em taxas de isolamento menores que 5%, mas com valores idênticos, de 4,76% (1/21), *Actinobacillus seminis*, *Clostridium perfringens*, *Klebsiella pneumonia*, *Manheimia ruminalis*, *Staphylococcus microti* e *Staphylococcus petrasii* foram identificados. Por fim, 47,62% (10/21) amostras não obtiveram espécies bacterianas identificadas.

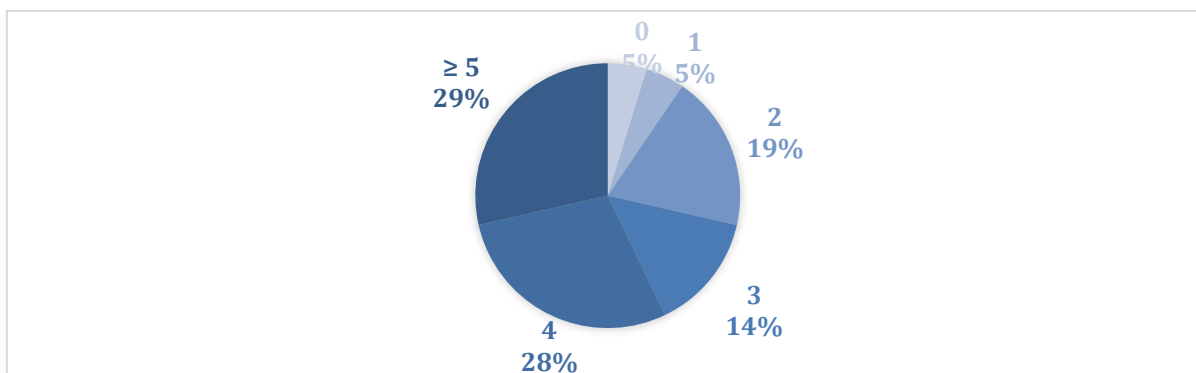
Tabela 4. Taxa de isolamento bacteriano em material coletado no fundo vaginal durante o pós-parto imediato (0 a 3 dias) em fêmeas bovinas com quatro partos ou mais

Espécie de Bactéria Identificada	Taxa de Isolamento Bacteriano
<i>Escherichia coli</i>	61,9% (13/21)
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	52,38% (11/21)
<i>Staphylococcus chromogenes</i>	47,62% (10/21)
<i>Pasteurella multocida</i>	28,57% (6/21)
<i>Lysinibacillus fusiformis</i>	19,05% (4/21)
<i>Streptococcus pluranimalium</i>	19,05% (4/21)
<i>Streptococcus uberis</i>	19,05% (4/21)
<i>Trueperella pyogenes</i>	19,05% (4/21)
<i>Histophilus somni</i>	14,29% (3/21)
<i>Proteus spp.</i>	14,29% (3/21)
<i>Leveduras</i>	9,52% (2/21)
<i>Mannheimia varigena</i>	9,52% (2/21)
<i>Staphylococcus aureus</i>	9,52% (2/21)
<i>Staphylococcus hyicus</i>	9,52% (2/21)
<i>Actinobacillus seminis</i>	4,76% (1/21)
<i>Clostridium perfringens</i>	4,76% (1/21)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4,76% (1/21)
<i>Manheimia ruminalis</i>	4,76% (1/21)
<i>Staphylococcus microti</i>	4,76% (1/21)
<i>Staphylococcus petrasii</i>	4,76% (1/21)
Não identificada	47,62% (10/21)

Fonte: A própria autora

Segundo o número de espécies bacterianas isoladas, as fêmeas de quarta parição (21 animais), apresentaram como condição mais frequente o isolamento de 5 ou mais espécies bacterianas diferentes, sendo este valor, 29% do total de amostras (Gráfico 4). Entretanto, do total de 21 amostras coletadas, em 5% não foi isolada nenhuma espécie bacteriana. Enquanto que, outros 5% identificaram apenas 1 espécie bacteriana. Por conseguinte, 2 espécies distintas de bactérias foram isoladas em 19% das amostras, seguida de 3 espécies bacterianas distintas em 14% das amostras. Por fim, 4 espécies bacterianas diferentes foram isoladas em 28% das vacas (Gráfico 4).

Gráfico 4. Distribuição das amostras de fundo vaginal em fêmeas bovinas de quatro partos ou mais durante o pós-parto (0 a 3 dias) segundo o número de espécies bacterianas isoladas



Fonte: A própria autora

Nota: $n = 21$ amostras coletadas. No gráfico 4, os valores numéricos externos indicam o número de bactérias distintas identificadas em uma mesma amostra, enquanto os valores percentuais representam a proporção de amostras com esse perfil de isolamento microbiológico.

5. DISCUSSÃO

A presença simultânea de diversas espécies bacterianas no fundo vaginal reflete a complexidade da microbiota e aponta suscetibilidade de fêmeas recém paridas à contaminação no pós-parto imediato. Foi observado no presente estudo que, a medida em que a ordem de partos aumenta, há uma tendência à elevação da diversidade bacteriana presente no fundo de vagina. Desse modo, nota-se que a ordem de parição influencia na diversidade microbiana presente no fundo vaginal durante o período de pós-parto imediato.

Sabe-se que o útero bovino já foi considerado um ambiente estéril fora do período pós-parto, porém dados de sequenciamento genético evidenciaram que o trato genital saudável é colonizado por um microbioma diverso e funcional (SANTOS; BICALHO, 2012). A presença de uma microbiota variada exerce papel crucial na manutenção do equilíbrio local e na resposta imunológica (SHELDON *et al.*, 2009).

No presente estudo, a presença de maior diversidade bacteriana observada em vacas multíparas sugere que a ocorrência de múltiplos partos e processos de involução uterina ao longo da vida reprodutiva da vaca favorece a colonização contínua e a persistência de maior diversidade bacteriana. Bicalho *et al.* (2017) relataram a presença de maior diversidade microbiológica em amostras vaginais de vacas multíparas, quando comparadas a vacas primíparas. Pascottini *et al.* (2021), observaram que estas divergências de microbiota entre a ordem de parição podem ser justificadas pela presença de bactérias persistentes em vacas multíparas.

De acordo com o presente estudo, a bactéria *Escherichia coli* destacou-se com maior prevalência em fêmeas secundíparas (76,19%), de terceira parição (80,00%) e de quarta parição (61,9%), mantendo uma alta taxa também nas primíparas (65,12%). Por sua vez, o *Streptococcus dysgalactiae* foi o isolado mais frequente nas primíparas (72,09%) e manteve relevância nas demais categorias (42,86% a 52,38%). Esses achados sugerem intensa contaminação ambiental e fecal, aliada à proximidade anatômica do trato reprodutivo com as fontes de contágio. Segundo Gilbert (2013), o ambiente uterino no pós-parto é invadido primeiramente por bactérias da espécie *Escherichia coli*, que em seguida favorecem a posterior colonização por outros patógenos.

Durante o período de transição e nos primeiros dias após o parto, as várias alterações sofridas pela vaca facilitam o acesso de bactérias ambientais ao lúmen uterino, alterações essas como o relaxamento da cérvix, que expõe o lúmen uterino à microbiota da pele, ambiente e fezes, permitindo o crescimento excessivo de bactérias no lúmen (BICALHO *et al.*, 2017; MACHADO *et al.* 2012). Assim, é favorecida também a colonização por vários patógenos, como o *Streptococcus dysgalactiae*, o qual, embora esteja mais relacionado à mastite e comumente presente na pele e microbiota do úbere, é também ambiental e comensal de mucosas.

Nota-se que, no presente trabalho a contaminação por *Staphylococcus chromogenes*, colonizador comum da pele do teto e do canal do teto, mostrou aumento progressivo de acordo com a quantidade de partos apresentada, sendo 6,28% nas primíparas, 23,81% nas secundíparas, 26,67% nas vacas de terceira parição e atingindo 47,62% nas fêmeas de quarta parição. Assim como o *Streptococcus uberis* teve um aumento progressivo, atingindo até 47,67% nas fêmeas de terceira parição. Estes são patógenos que com a incidência de infecções oportunistas, são frequentemente isolados do endométrio e da vagina de vacas durante o pós-parto (SHELDON *et al.*, 2006; ZIGO *et al.*, 2022). Além disso, o isolamento frequente dessas espécies que são mais relacionadas com a glândula mamária e a pele do animal sugere contaminação ascendente devido ao manejo no momento do parto ou a partir do ambiente (SHELDON *et al.*, 2006). Dessa forma, é notório que a presença de vários patógenos não comumente associados a doenças uterinas está ligada a contaminação ambiental.

Assim como bactérias das espécies *Proteus* spp., *Clostridium perfringens*, *Lysinibacillus fusiformis*, que são microrganismos ambientais e entéricos comuns que frequentemente contaminam a região genital transitoriamente e muitas vezes são eliminados pela imunidade inata do endométrio sem estabelecer infecção persistente (BICALHO *et al.*, 2012). Há também presença de algumas espécies bacterianas, como *Streptococcus* spp.

(*Streptococcus uberis*, *Streptococcus pluranimalium*, *Streptococcus suis* e *Streptococcus mitis*), que são amplamente encontrados no ambiente, no trato gastrointestinal e na vagina de fêmeas bovinas saudáveis e vacas acometidas por doenças uterinas, estas costumam habitar o trato genital geralmente sem causar doença, atuando como contaminantes ou oportunistas secundários (WILLIAMS *et al.*, 2012). Kwiecien *et al.* (1994), descrevem ainda que *Histophilus somni* é uma bactéria comensal adaptada à mucosa genital, que raramente produz uma resposta inflamatória local. A respeito do *Streptococcus suis*, sua presença nos achados pode ser justificada pelo fato de haver uma granja de suínos na mesma fazenda em que foram feitas as coletas.

A espécie bacteriana denominada *Trueperella pyogenes* foi identificada em todas as ordens de paridade, com frequências de isolamento que variaram de 11,63% em fêmeas primíparas a 20,00% em animais de terceira parição. Apesar de registrar menor proporção do que a *Escherichia coli*, sua presença constante é clinicamente relevante. A literatura descreve o sinergismo clássico entre *Escherichia coli* e *Trueperella pyogenes*, no qual ocorre infecção inicial por *E. coli* e a liberação de endotoxinas (LPS) que provocam lesões no tecido endometrial e alteram a resposta imune local, viabilizando o estabelecimento e a colonização secundária por *Trueperella pyogenes*, agravando assim a resposta inflamatória e a severidade do quadro clínico (SHELDON *et al.*, 2006; GILBERT, 2016).

É perceptível, ainda, que 7 espécies bacterianas (*E. coli*, *S. dysgalactiae*, *S. chromogenes*, *S. uberis*, *H. somni*, *S. pluranimalium* e *T. pyogenes*) estiveram presentes em todas as amostras independente da paridade. Isso reforça o caráter oportunista desses agentes, reforçando a capacidade deles em colonizar o trato genital independentemente do histórico reprodutivo das fêmeas. Ademais, a presença de bactérias não identificadas sugere que estas podem ser bactérias ainda desconhecidas.

Foi observada quanto à riqueza de espécies bacterianas isoladas (Gráficos 1 a 4), um padrão progressivo no qual o aumento da ordem de paridade correlaciona-se com maior diversidade microbiológica. Nas fêmeas primíparas, ocorreu maior prevalência de espécies bacterianas variadas em 42% das amostras, com 3 espécies distintas, enquanto que em 18% havia 4 bactérias variadas e apenas 12% exibiram 5 ou mais bactérias distintas. A prevalência de 3 espécies bacterianas distintas nas fêmeas primíparas indica um processo de contaminação inicial mais restrito. Com predominância de agentes primários típicos do parto (como a *Escherichia coli* e *Streptococcus spp.*), os quais frequentemente atuam como colonizadores iniciais antecedendo o estabelecimento de uma comunidade microbiana mais diversa e complexa (GILBERT, 2013).

Entretanto, das fêmeas secundíparas, até as de quatro ou mais partos, nota-se mudança expressiva no perfil microbiológico. Desse modo, a proporção de vacas colonizadas por 5 ou mais espécies bacterianas aumentou para 29% nas secundíparas, chegando a 40% nas fêmeas que já tiveram 3 partos e se mantendo elevado nas fêmeas que já passaram por 4 ou mais partos.

6. CONCLUSÃO

Fêmeas com três ou mais partos apresentaram maior diversidade bacteriana, e a proporção de espécies isoladas por amostra aumentou de forma progressiva conforme a ordem de parição se elevou. Portanto, a ordem de parição influencia diretamente a microbiota do fundo vaginal de vacas leiteiras mestiças mantidas em confinamento sob clima tropical no pós-parto imediato.

7. REFERÊNCIAS

ADNANE, Mounir; CHAPWANYA, Aspinas. Microbial guardians of fertility in the female bovine reproductive microbiome. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 25, n. 20, p. 10923, 2024.

AMETAJ, B. N. et al. Intravaginal administration of lactic acid bacteria modulated the incidence of purulent vaginal secretions, plasma haptoglobin concentrations and milk production in dairy cows. **Research in Veterinary Science**, v. 96, n. 2, p. 365-370, 2014.

ARAÚJO, P. G.; PIZELLI, G. N.; CARVALHO, M. R.; MENEGUELLI, C. A. Involução uterina e atividade ovariana na vaca leiteira após o parto. **Pesq Agropec Bras**, v. 9, p. 1-6, 1974.

AZAWI, O. I. Postpartum uterine infection in cattle. **Animal Reproduction Science**, v. 105, n. 3-4, p. 187-208, 2008. Acesso em: 20 jul. 2026.

BICALHO, M. L. S. et al. Association between virulence factors of *Escherichia coli*, *Fusobacterium necrophorum*, and *Arcanobacterium pyogenes* and uterine diseases of dairy cows. **Veterinary Microbiology**, v. 157, n. 1-2, p. 125-131, 2012.

BICALHO, M. L. S. et al. Genetic and functional analysis of the bovine uterine microbiota. Part I: Metritis versus healthy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 5, p. 3850-3862, 2017.

BICALHO, M. L. S. et al. Genetic and functional analysis of the bovine uterine microbiota. Part II: Purulent vaginal discharge versus healthy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 5, p. 3863-3874, 2017. Acesso em: 19 jul. 2026.

BOGADO PASCOTTINI, O. et al. Effects of parity, blood progesterone, and non-steroidal anti-inflammatory treatment on the dynamics of the uterine microbiota of healthy postpartum dairy cows. **PLoS One**, v. 16, n. 2, p. e0233943, 2021. Acesso em: 19 jul. 2026.

BONNEVILLE-HÉBERT, Ariane et al. Efeito de distúrbios reprodutivos e paridade no status de repetição de cio e descarte de vacas leiteiras em Quebec. **Canadian Journal of**

Veterinary Research, v. 75, n. 2, p. 147-151, 2011. Acesso em: 18 jul. 2026.

BUCH, N. C.; TYLER, W. J.; CASIDA, L. E. Postpartum estrus and involution in an experimental herd of Holstein Friesian cows. **Journal of Dairy Science**, v. 38, p. 73-79, 1955.

DA SILVA SANTOS, J. M. et al. Uso indiscriminado de antibióticos na medicina veterinária e os impactos na Uma Saúde. **Brazilian Journal of Implantology and Health Sciences**, v. 7, n. 3, p. 1656-1672, 2025.

DE MELO WALTER, M. D.; TEIXEIRA, M. M. O benefício do uso de probióticos e prebióticos na saúde intestinal de bezerras leiteiras: uma revisão de literatura. **Revista Ibero-Americana de Humanidades, Ciências e Educação**, v. 11, n. 11, p. 4582-4589, 2025.

DE OLIVEIRA, E. B. et al. Using chitosan microparticles to treat metritis in lactating dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 8, p. 7377-7391, 2020. Acesso em 07 jun. 2026.

DENG, Q. et al. Intravaginal administration of lactic acid bacteria accelerated uterine involution and modulated hormonal profiles in transition dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 98, n. 9, p. 6018-6028, 2015.

DHAKAL, K. et al. Birth weight, gestation length, calving ease, and neonatal mortality of Holstein, Jersey, and crossbred calves in a pasture-based system. **Journal of Dairy Science**, v. 96, p. 690–698, 2013. pmid:23084888. Acesso em: 21 jul. 2026.

DRACKLEY, J. K. Biology of dairy cows during the transition period: The final frontier? **Journal of Dairy Science**, v. 82, n. 11, p. 2259-2273, 1999.

DRILLICH, M. et al. The efficacy of flunixin meglumine administered systemically to cows with retained fetal membranes and metritis. **Journal of Dairy Science**, v. 90, n. 12, p. 5539-5545, 2007.

DUBUC, J. et al. Effects of postpartum uterine diseases on milk production and culling in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 94, n. 3, p. 1339-1346, 2011. Acesso em 07 jun.

2026.

ESPOSITO, Giulia et al. Interactions between negative energy balance, metabolic diseases, uterine health and immune response in transition dairy cows. **Animal Reproduction Science**, v. 144, n. 3-4, p. 60-71, 2014. Acesso em: 19 jul. 2026.

FONSECA, F. A. et al. Reproductive traits of Holstein and Jerseys, effect of age, milk yield, and clinical abnormalities on involution of cervix and uterus, ovulation, estrous cycles, detection of estrus, conception rate, and days open. **Journal of Dairy Science**, v. 66, p. 1128-1147, 1983. Acesso em: 20 jul. 2026.

GALVÃO, K. N. et al. Evaluation of the effect of eprinomectin and ceftiofur on reproduction and milk production of dairy cows with retained placenta, metritis, and postpartum weight loss. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 1, p. 195-207, 2009.

GALVÃO, K. N. Rational use of antimicrobials in treatment of postpartum uterine diseases in dairy cows. **The Veterinary Journal**, v. 197, n. 2, p. 213-221, 2013.

GALVÃO, K. N. Uterine diseases in dairy cows: understanding the causes and seeking solutions. **Animal Reproduction (AR)**, v. 10, n. 3, p. 228-238, 2018.

GALVÃO, K. N. Uterine diseases in dairy cows: understanding the causes and seeking solutions. **Animal Reproduction (AR)**, v. 10, n. 3, p. 228-238, 2018. Acesso em: 19 jul. 2026.

GALVÃO, K. N. et al. Association between endometritis and endometrial cytokine expression in postpartum Holstein cows. **Theriogenology**, v. 76, n. 2, p. 290-299, 2011. Acesso em: 19 jul. 2026.

GALVÃO, K. N.; BICALHO, R. C.; JEON, S. J. Symposium abstract: The uterine microbiome associated with the development of uterine diseases in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 12, p. 11786-11797, 2019.

GARZON, A. et al. Defining clinical diagnosis and treatment of puerperal metritis in dairy cows: A scoping review. **Journal of Dairy Science**, v. 105, n. 4, p. 3440-3452, 2022.

GENÍS, S. et al. Intravaginal administration of lactic acid bacteria before calving reduces the prevalence of metritis and regulates blood neutrophil gene expression after calving in dairy cattle. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 5, p. 135, 2018.

GILBERT, Robert O. Management of reproductive diseases in dairy cows. **Veterinary Clinics: Food Animal Practice**, v. 32, n. 2, p. 387-410, 2016.

GILBERT, R. O. Postpartum uterine infection and impacts on herd fertility. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 37, n. 2, p. 198-199, 2013. Acesso em: 24 jul. 2026.

GIULIODORI, M. J. et al. Metritis in dairy cows: risk factors and reproductive performance. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 6, p. 3621-31, 2013.

GONÇALVES, D. C. B.; GUERIOS, E. M. A. Metrite puerperal em bovinos: revisão bibliográfica. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária FAG**, v. 5, n. 2, p. 116-127, 2022.

GONZÁLEZ SÁNCHEZ, J. P.; BIANCHINI SOBRINHO, E.; GONÇALVES, A. A. M. Involução uterina em um rebanho Gir leiteiro segundo o período pós-parto e o número de parições. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 51, p. 345-351, 1999. Acesso em: 20 jul. 2026.

GOTTARDO, A. et al. Uso indiscriminado de antimicrobianos na medicina veterinária e o risco para saúde pública. **Revista GeTeC**, v. 10, n. 26, 2021.

GUARDABASSI, L.; JENSEN, L. B.; KRUSE, H. **Guia de antimicrobianos em veterinária**. Porto Alegre: Artmed, 2010. 268 p.

GUILLOT, J. F. Consequências da liberação de probióticos no intestino de animais. In: **Melhorando a segurança: da ração ao alimento**. Zaragoza: CIHEAM, p. 17-21, 2001.

GUTIERREZ, L. M. et al. Incidence of staphylococci In ovine mastitic milk and antibiotic susceptibility of the strains. **Milchwissenschaft**, v. 45, p. 778-781, 1990.

ISHIKAWA, Y. et al. Changes in interleukin-6 concentration in peripheral blood of pre- and post-partum dairy cattle and its relationship to postpartum reproductive diseases. **Journal of Veterinary Medical Science**, v. 66, n. 11, p. 1403-1408, 2004. Acesso em: 19 jul. 2026.

ISLAM, Rafiqul et al. Determination of anti-inflammatory cytokine in periparturient cows for prediction of postpartum reproductive diseases. **Theriogenology**, v. 79, n. 6, p. 974-979, 2013. Acesso em: 19 jul. 2026.

JANA, D.; MISHRA, R. R. Studies on uterine involution and postpartum in dairy cow. **Indian Journal of Dairy Science**, v. 31, p. 145-149, 1978.

JOHANSON, J. M.; BERGER, P. J. Birth weight as a predictor of calving ease and perinatal mortality in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 11, p. 3745-3755, 2003. Acesso em: 18 jul. 2026.

KANIYAMATTAM, K. et al. Economics of reducing antibiotic usage for clinical mastitis and metritis through genomic selection. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 1, p. 473-491, 2020.

KOZICKI, L. E.; BOSTEDT, H.; FINGER, K. I.; ARNSTADT, I. Clinical findings of the reproductive tract of postpartum cows and their relationship with progesterone. **Rev Set Ciênc Agr**, v. 6, p. 45-49, 1984.

KWIECIEN, J. M.; LITTLE, P. B.; HAYES, M. A. Adherence of *Haemophilus somnus* to tumor necrosis factor-alpha-stimulated bovine endothelial cells in culture. **Can J Vet Res**, v. 58, p. 211-219, 1994.

LEBLANC, M. M. et al. Differences in uterine position of reproductively normal mares and those with delayed uterine clearance detected by scintigraphy. **Theriogenology**, v. 50, n. 1, p. 49-54, 1998.

LEBLANC, Michelle M. et al. Lymphatic clearance of India ink in reproductively normal mares and mares susceptible to endometritis. **Biology of Reproduction**, v. 52, n.

monograph_series1, p. 501-506, 1995.

MACHADO, V. S. et al. Investigation of postpartum dairy cows' uterine microbial diversity using metagenomic pyrosequencing of the 16S rRNA gene. **Veterinary Microbiology**, v. 159, n. 3–4, p. 460–469, 2012.

MADUREIRA, A. M. L. et al. Uso de bactérias lácticas intravaginais no pré-parto como abordagem para a prevenção de doenças uterinas e sua associação com a fertilidade de vacas leiteiras em lactação. **Journal of Dairy Science**, v. 106, n. 7, p. 4860-4873, 2023.

MERKELYTĖ, Inga et al. Bacterial and fungal dynamics of the uterine microbiota in postpartum beef cows supplemented with grape pomace. **Animals**, v. 16, n. 5, p. 810, 2026.

MIRANDA-CASOLUENGO, Raúl et al. Delayed differentiation of vaginal and uterine microbiomes in dairy cows developing postpartum endometritis. **PloS One**, v. 14, n. 1, p. e0200974, 2019. Acesso em: 03 jun. 2026.

MORROW, D. A.; ROBERTS, S. J.; MCENTEE, K. Post-partum ovarian activity and involution of the uterus and cervix in dairy cattle. 2. Involution of the uterus and cervix. **Cornell Vet.**, v. 59, p. 190-198, 1969. Acesso em: 20 jul. 2026.

MOTA, R. A. et al. Utilização indiscriminada de antimicrobianos e sua contribuição a multirresistência bacteriana. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 42, n. 6, p. 465-470, 2005.

MULLIGAN, F. J.; DOHERTY, M. L. Production diseases of the transition cow. **The Veterinary Journal**, v. 176, n. 1, p. 3-9, 2008. Acesso em: 18 jul. 2026.

OLTENACU, P. A. et al. Relationships among type of parturition, type of discharge from genital tract, involution of cervix, and subsequent reproductive performance in Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 66, p. 612-619, 1983. Acesso em: 20 jul. 2026.

PASCOTTINI, O. Bogado et al. Effect of anti-inflammatory treatment on systemic

inflammation, immune function, and endometrial health in postpartum dairy cows. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 5236, 2020. Acesso em: 21 jul. 2026.

PASCOTTINI, O. Bogado et al. Evaluation of associations between transition diseases and reproductive performance in dairy cows using survival analysis and decision tree algorithms. **Preventive Veterinary Medicine**, v. 176, p. 104908, 2020. Acesso em: 21 jul. 2026.

PASCOTTINI, O. B.; LEROY, J. L.; OPSOMER, G. Metabolic stress in the transition period of dairy cows: Focusing on the prepartum period. **Animals**, v. 10, n. 8, p. 1419, 2020.

PINEDO, P. et al. Early-lactation diseases and fertility across two calving seasons in US dairy herds. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 11, p. 10560-10576, 2020.

PREISLER, M. T. et al. Glucocorticoid receptor expression profiles in mononuclear leukocytes of periparturient Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 83, n. 1, p. 38-47, 2000. Acesso em: 19 jul. 2026.

RIBEIRO, L. F. et al. Impactos da utilização imprudente de antimicrobianos em vacas em lactação. **Revista Brasileira de Higiene e Sanidade Animal**, v. 8, n. 5, p. 164–170, 2014.

SADER, H. S. *Acinetobacter baumannii*: um difícil tratamento. **Revista Prática Hospitalar**, São Paulo, v. 58, n. 1, p. 58-61, 2017.

SANTOS, T. M. A.; BICALHO, R. C. Diversity and dynamics of bacterial community in the uterus of dairy cows. **Reproduction in Domestic Animals**, v. 47, n. s4, p. 260-267, 2012.

SANTOS, T.M.A; GILBERTO, RO; BICALHO, RC. Metagenomic analysis of the uterine bacterial microbiota in healthy and metritic postpartum dairy cows. *Journal of Dairy Science*, v. 94, no. 1, pp. 291-302, 2011.

SHELDON, I. M. et al. Definition of postpartum uterine disease and mechanisms of infection and immunity in the female reproductive tract in cattle. **Reproductive Biology**, v. 81,

n. 6, p. 1025-1032, 2009.

SHELDON, I. M. et al. Definition of postpartum uterine disease in cattle. **Theriogenology**, v. 65, n. 8, p. 1516-1530, 2006.

SHELDON, I. M.; DOBSON, H. Postpartum uterine health in cattle. **Animal Reproduction Science**, v. 82, p. 295-306, 2004.

SINGH, J. et al. The immune status of the bovine uterus during the peripartum period. **The Veterinary Journal**, v. 175, n. 3, p. 301-309, 2008. Acesso em: 19 jul. 2026.

STABEL, J. R.; GOFF, J. P.; KIMURA, Kayoko. Effects of supplemental energy on metabolic and immune measurements in periparturient dairy cows with Johne's disease. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 11, p. 3527-3535, 2003. Acesso em: 19 jul. 2026.

TAN, X. et al. Down-regulation of NOD1 in neutrophils of periparturient dairy cows. **Veterinary Immunology and Immunopathology**, v. 150, n. 1-2, p. 133-139, 2012. Acesso em: 18 jul. 2026.

UYENO, Y.; SHIGEMORI, S.; SHIMOSATO, T. Effect of probiotics/prebiotics on cattle health and productivity. **Microbes and Environments**, v. 30, n. 2, p. 126-132, 2015.

WANKHADE, P. R. et al. Metabolic and immunological changes in transition dairy cows: A review. **Veterinary World**, v. 10, n. 11, p. 1367, 2017.

WISNIESKI, L. et al. Modelos preditivos para doenças no início da lactação em bovinos leiteiros em transição na secagem. **Medicina Veterinária Preventiva**, v. 163, p. 68-78, 2019.

ZAIN, A. E. et al. Factors in the resumption of ovarian activity and uterine involution in postpartum dairy cows. **Anim Reprod Science**, v. 38, p. 203-214, 1995.

ZIGO, F. et al. Mammary gland pathogens of dairy cows and occurrence of virulence factors in staphylococci. **Animals**, v. 12, n. 4, p. 470, 2022.