

## Caracterização genética por marcadores moleculares de bactérias ácido lácticas isoladas na Serra Gaúcha

Letícia Caroline Fensterseifer<sup>1</sup>, Shana Paula Segala Miotto<sup>1</sup>, Simone Bertazzo Rossato<sup>1</sup>, Eunice Valduga<sup>2</sup>, Rogério Luis Cansian<sup>2</sup>, Evandro Ficagna<sup>1\*</sup>  
\*Orientador

<sup>1</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) -  
Campus Bento Gonçalves. Bento Gonçalves, RS

<sup>2</sup>Universidade Regional do Alto Uruguai das Missões (URI) - Campus Erechim. Erechim, RS

O estado do Rio Grande do Sul é o maior produtor de uvas no país, tendo a Serra Gaúcha como a região que mais se destaca em área plantada, sendo assim a mesma também desponta como grande produtora de vinhos finos. Como os vinhos de altitude possuem grande concentração de ácido L-málico expressando uma acidez acentuada, realiza-se a fermentação malolática no intuito de melhorar a palatabilidade dos mesmos, agregando qualidade organoléptica e diminuindo a acidez. As responsáveis por esta fermentação são as bactérias ácido lácticas, que estão presentes naturalmente nas uvas, porém uma fermentação de qualidade é realizada por cepas que descarboxilem o ácido L-Málico, produzindo ácido L-Lático e CO<sub>2</sub>. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética destas bactérias isoladas de uvas tintas: Merlot, Pinot Noir e *Cabernet Sauvignon*. Foi realizada a extração e quantificação do DNA genômico total e posterior amplificação PCR-RAPD dos isolados e de bactérias comerciais *Oenococcus oeni* e *Lactobacillus plantarum*, para avaliar a diversidade genética entre os mesmos. A amplificação dos fragmentos foi realizada com 4 primers não específicos, e corrida em gel de agarose 1,4%. Os géis foram fotografados, as bandas contadas, totalizando 38, com tamanho variando entre 0,5 a 2,0 kb, sendo possível evidenciar a diversidade genética entre os isolados analisados. De acordo com a presença ou ausência das bandas foi construída uma matriz binária com o software Excel e a plotagem destes dados em um dendrograma, através do software PAST, utilizando o método UPGMA e coeficiente de Jaccard. Os resultados demonstram uma grande variabilidade genética, com a formação de grupos definidos, tendendo tanto para *O. Oeni* quanto para *L. plantarum*. O primeiro grupo apresentou um grau de similaridade de 60%, enquanto os demais isolados apresentam em torno de 40% de semelhança. Estes valores podem ser explicados pela atividade ou não das enzimas málica e malato desidrogenase, presente nas cepas estudadas, sendo responsáveis pela descarboxilação do ácido L-Málico, porém apenas a enzima málica realiza a produção de gás carbônico, o que é de interesse para a produção de vinhos. A técnica empregada permitiu diferenciar as bactérias ácido lácticas isoladas, bem como agrupá-las de acordo com a semelhança em relação as cepas comerciais, porém não houve ligação dos agrupamentos formados de acordo com as variedades de uva utilizadas. O estudo permitiu inferir quais são mais aptas para a realização da Fermentação Malolática na indústria enológica, de acordo com sua semelhança a *O. oeni*.

**Palavras-chave:** Descarboxilação biológica. Culturas "starter". Vinificação. Biotecnologia.