



## Análise genética de bactérias ácido lácticas autóctones da Serra Gaúcha

Letícia Caroline Fensterseifer<sup>1</sup>; Shana Paula Segala Miotto <sup>1,2</sup>; Eunice Valduga<sup>2</sup>, Rogério Luís Cansian<sup>2</sup>, Evandro Ficagna\*

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

<sup>2</sup> Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões (URI) – *Campus* Erechim. Erechim, RS, Brasil.

As bactérias ácido lácticas são cosmopolitas. Gram-positivas, apresentando-se na forma de cocos ou bacilos e são associadas à fermentação de produtos lácteos, pães, conservas de legumes e vinhos. O Estado do RS é o maior produtor de uvas finas no país, tendo a Serra Gaúcha a região que mais se destaca em área plantada, sendo assim a mesma também desponta como grande produtora de vinhos finos. Atualmente utilizam-se cepas comerciais selecionadas durante a vinificação para realizar a descarboxilação do ácido L-málico, no intuito de melhorar a palatabilidade dos vinhos, agregando qualidade organoléptica e diminuindo a acidez. Porém, diversos autores relatam melhores desempenhos em fermentações maloláticas quando estas são realizadas por micro-organismos isolados na região onde as uvas são cultivadas. Neste trabalho utilizou-se isolados de bactérias ácido lácticas das variedades viníferas tintas, pela técnica de PCR-RAPD (*Polymerase Chain Reaction – Random Amplification of Polymorphic DNA*), para avaliar a diversidade genética dos mesmos e sua similaridade com as bactérias comerciais *Oenococcus oeni* e *Lactobacillus plantarum*. Após a extração e quantificação do DNA genômico, foi realizada a amplificação dos fragmentos com *primers* globais não específicos, e posterior corrida em gel de agarose 1,4%. Os géis foram fotografados e as bandas contadas. A análise foi realizada utilizando 4 *primers*, os quais geraram um total de 38 bandas, com tamanho variando entre 0,5 a 2,0 kb, sendo possível evidenciar a diversidade genética entre os isolados analisados. Estes resultados permitiram a construção de uma matriz binária de acordo com a presença ou ausência das bandas e a plotagem destes dados em um dendrograma através do programa PAST, utilizando o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*) e coeficiente de Jaccard, que evidencia a similaridade dos indivíduos estudados. 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 além de ser de baixo custo, simples e requerer pequenas quantidades de DNA, permitiu diferenciar satisfatoriamente as bactérias ácido lácticas isoladas, bem como agrupá-las de acordo com a semelhança com cepas comerciais, podendo se inferir quais são mais aptas para a realização da Fermentação Malolática na indústria enológica.

**Palavras-chave:** culturas 'starter'; vinificação; biotecnologia

Trabalho executado com recursos do Edital PROPPI nº 013/2016 – Fomento Interno 2017/2018 2018 da Pró-reitoria de Pesquisa, Pós-graduação e Inovação.