

Caracterização molecular de bactérias ácido lácticas de amostras de queijos artesanais de diferentes regiões do estado de Minas Gerais

Maria Laura Gazolla Parma¹, Michely Freitas Bessa^{1*}, Lívia de Lima Paradelo²,
Ana Flávia Lawall Werneck Cerqueira¹, Mirian Pereira Rodarte¹, João Batista Ribeiro³

¹Universidade Federal de Juiz de Fora, ²Suprema, ³Embrapa Gado de Leite

*e-mail: michelyfreitasbessa@gmail.br

Queijo Minas Artesanal, além de alta importância cultural para o estado de Minas Gerais, possui um grande valor econômico devido à geração de renda, principalmente para pequenos produtores e pela movimentação da economia do estado. O uso de técnicas moleculares tem ganhado cada vez mais destaque para o estudo da microbiota de produtos lácteos, com amplas finalidades, desde detecção e identificação de microrganismo, avaliação da qualidade de microbiota a interferência de tecnologias de produção, além de outras aplicações. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a diversidade genética de bactérias lácticas, previamente isoladas de amostras de Queijos Minas Artesanais produzidas nas diferentes microrregiões do Serro, Canastra, Araxá, Triângulo Mineiro e Cerrado, visando sua aplicação em bioprocessos. Foi utilizada a técnica molecular de sequências palindrômica extragênicas repetidas (REP) - PCR, empregando o oligonucleotídeo GTG5 para amplificação do DNA bacteriano dos isolados por aplicação direta de uma colônia bacteriana na reação de PCR. Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese horizontal em géis de agarose 0,8% a 80 V, os quais foram corados com brometo de etídeo e em seguida fotodocumentados. As imagens dos géis foram utilizadas para a construção de matrizes de similaridade através do programa BioNumerics. A matriz binária (1/0) foi utilizada para cálculo dos coeficientes de similaridade Jaccard entre cada par de acessos. A relação entre as populações foi avaliada através da construção de dendrogramas utilizando o algoritmo UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic Averages). Entre as 142 BALs isoladas previamente, apenas 106 foram utilizadas na caracterização molecular, e destes isolados bacterianos, 77 (88%) apresentadas diferentes perfis eletroforéticos, evidenciando a alta diversidade genética entre os isolados microbianos obtidos a partir de amostras de QMA proveniente das diferentes microrregiões indicando o potencial dessa população microbiana para estudos de prospecção de moléculas bioativas. As amostras foram congeladas para análises posteriores e para produção de uma coleção biológica geneticamente diversificada para futuros projetos na área de fermentação industrial e bioprospecção.

