

Avaliação da ação da toxina killer produzida por outra linhagem killer

(Toxin action Assessment killer produced by another killer strain)

Canossa, S.¹, Agustini, C. B. ², Manfroi, V. ¹, Silva, G. A. da¹.

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul- UFRS. CEP 91501970, Porto Alegre, Brasil. ² Laboratório de Microbiologia, Embrapa Uva e vinho. CEP 95700000, Bento Gonçalves, Brasil. E-mail: sheilacssa@gmail.com

O fator killer foi descoberto em leveduras no ano de 1963. Foi observado que algumas linhagens produziam uma substância capaz de matar outras linhagens de leveduras. Este agente é produzido por algumas células e causam a morte das leveduras sensíveis, porém é inócuo para as linhagens neutras, assim denominadas, pois estas não produzem a toxina efetiva e não são afetadas pela mesma. Fenotipicamente, as leveduras foram agrupadas conforme o comportamento em relação à toxina sendo classificadas como killer (K^+R^-), onde é detectada a produção e também a resistência à ação da toxina; neutras (K^-R^+), quando a levedura não possui capacidade de sintetizar a toxina, mas é resistente à ação a mesma e sensíveis (K^-R^-), onde nem a síntese e nem a resistência à toxina são observadas. O objetivo deste trabalho foi detectar linhagens killer que apresentem sensibilidade à outra linhagem killer. O teste de sensibilidade killer/killer foi efetuado com o meio mosto Lorena M 80:20. As linhagens testadas, oriundas da Região de Farroupilha, foram: 8FMA, 19FMA, 33FMA, 37FMA, 46FMA, 47 FMA (Moscato Alexandria), 3MBTF, 10MBTF, 12MBTF, 13MBTF, 23MBTF, 26MBTF, 28MBTF (Moscato Tradicional) e 33FMB (Malvasia Bianca) e as linhagens de referência 1B, 91B e K1. As placas foram acondicionadas em estufa a 18 °C de 48 a 72 horas. Nenhuma das linhagens testadas apresentou-se sensível à outra linhagem killer. A linhagem padrão 91B84, no entanto, foi morta pelas linhagens 19FMA, 37FMA, 47FMA e 33FMB. Foi feita a identificação de todas as linhagens killer pela amplificação da região ITS1-5.8S-ITS2. As linhagens 19FMA, 33FMA, 37FMA, 46FMA, 47FMA, 10 MBTF, 12MBTF, 13MBTF, 23MBTF, 26MBTF, 28MBTF e 33FMB apresentaram amplificação em 290 pares de base. Este amplicon sugere se tratar da espécie *Candida diversa*. As linhagens 8FMA e 3MBTF apresentaram amplificação em 450 e 750 pares de base sugerindo que se trata, respectivamente, das linhagens *Starmerella bacillaris* e *Hanseniaspora uvarum*.

Tema: Microbiologia

Área: Enologia

Apoio: FAPERGS/ Embrapa Uva e Vinho