





| Evento | Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA | | | |
|------------|---|--|--|--|
| | DA UFRGS | | | |
| Ano | 2018 | | | |
| Local | Campus do Vale - UFRGS | | | |
| Título | Caracterização da comunidade microbiana de queijos | | | |
| | oriundos da ovinocultura | | | |
| Autor | LAURA DELPINO TREVISOL | | | |
| Orientador | JEVERSON FRAZZON | | | |

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Autor (a): Laura Delpino Trevisol

Orientador: Jeverson Frazzon

Título: Caracterização da comunidade microbiana de queijos oriundos da ovinocultura.

A pesquisa desenvolvida constitui em analisar a comunidade microbiana presente em queijos oriundos de leite de ovelha. A ovinocultura leiteira tornou-se importante economicamente na América do Sul nas últimas décadas, sendo a composição da microbiota destes produtos ainda pouco estudada no Brasil. O leite é destinado à produção de queijo, sendo considerada fonte de renda aos produtores por ter melhor rendimento na produção em comparação ao leite de vaca ou cabra, pois apresenta elevado teor de extrato seco devido sua maior proporção de gordura e proteína. A microbiota do queijo desempenha um papel fundamental na determinação se suas características organolépticas e outras propriedades físico-químicas, que são fortemente influenciadas pela fabricação incluindo condições de maturação, desse modo, é essencial entender as contribuições, positivas ou negativas, desses componentes microbianos. Além disso, as comunidades microbianas do queijo são complexas e insuficientemente caracterizadas. Os queijos abrigam microbiotas oriundas de bactérias adjuntas (que são adicionadas como um suplemento) e de uma variedade heterogênea de outros microrganismos não presentas na matéria prima, que possuem importante papel na composição nutritiva, prazo de validade e segurança do queijo. Entretanto, inúmeras bactérias e microrganismos podem surgir da manipulação e produção desses queijos, por serem susceptíveis ao crescimento. Consequentemente, tecnologias de sequenciamento de alto rendimento permitem uma identificação ainda mais precisa dessas comunidades microbianas, assim como suas características favoráveis e desfavoráveis. Pretendendo uma melhor caracterização dessas comunidades, até o momento, foram selecionadas 10 amostras (das 50 previstas no projeto) de queijo de ovelha tipo "Feta" e "Colonial", maceradas e dissolvidas em água destilada. Essas amostras passaram pelo processo de extração de DNA, conforme o protocolo do kit Genomic DNA Mini Kit (PureLink, invitrogen, USA), e após, foi utilizado o fluorímetro QuBit para a quantificação do DNA. O PCR foi utilizado para a amplificação das amostras onde foram usados os oligonucleotídeos da região V4F e V4R do gene 16s rRNA, que fornece informações restritas à composição filogenética das amostras. Os produtos do PCR foram visualizados por eletroforese em gel de agarose 1% e foi constatado que todas as amostras testadas até o momento apresentaram amplificação no tamanho esperado. Desse modo, tendo em vista o progresso da pesquisa, será realizado o sequenciamento de alto rendimento das amostras, através do equipamento Illumina. O resultado gerado será analisado utilizando ferramentas de Bioinformática como QIME II.