Análise metagenômica da microbiota do soro e soro-fermento Obtido na produção de queijo artesanal produzido em Santo Antônio do Leverger, Mato Grosso

Autor(res)

Ricardo César Tavares Carvalho
Amanda Tavares Da Mata
Elisana Cecilia Nunes Bueno
Adelino Da Cunha Neto

Categoria do Trabalho

Iniciação Científica

Instituição

UNIVERSIDADE DE CUIABÁ - UNIC

Introdução

O queijo artesanal é aquele elaborado por métodos tradicionais, com vinculação territorial, regional ou cultural (Brasil, 2019). Tais como: queijo minas artesanal e serro, queijo serrano e colonial, produzidos com leite cru, tendo na maturação a garantia da qualidade microbiológica, bem como nas boas práticas de fabricação. Conhecer a microbiota do queijo informa processos de amadurecimento, biomarcadores e interações microbianas. A metagenômica permite a compreensão da dinâmica microbiana dos queijos curados, nos ecossistemas frios e quentes, identifica microrganismos, fagos, bacteriófagos e plasmídeos relacionados com a maturação de queijos.

Objetivo

Geral
Averiguar os microrganismos presentes no soro do leite extraído diretamente da produção de Queijo Maturado Artesanal (QMA).

Específico
Realizar a extração do DNA e o sequenciamento de nova geração do soro retirado do queijo, e analisar e caracterizar a microbioma do soro;

Material e Métodos

Utilizou-se leite de vacas sadias da Fazenda Experimental da Universidade Federal de Mato Grosso, Brasil. Queijo produzido com as etapas de: coagulação, corte da massa, mexedura, drenagem do soro, enformagem, salga e maturação.
Análise do soro através do sequenciamento de nova geração – do soro extraiu-se o DNA para sequenciamento do genoma através da ByMyCell Genomics Made Simple. DNA submetido à reação em cadeia da polimerase (PCR) do gene 16S rRNA com os primers 27F e 149R. Amplicons analisados e quantificados para a construção das bibliotecas através do kit SQK-LSK114 , e sequenciados pela Flongles Flow Cell na plataforma MinION, conforme instruções do fabricante. Os reads resultantes foram submetidos a base-calling utilizando a Guppy Basecaller

versão GPU. O controle de qualidade dos reads foram filtrados pela Q10 através do NanoFilt e de multiplex por Porechop. Os reads foram mapeados em relação ao banco de referência 16S, utilizando a ferramenta KMA.

Resultados e Discussão

O estudo metagenômico através da análise do gene 16S permitiu detectar 109 gêneros de microrganismos identificados e um não identificável. O predomínio de Lactobacilllus spp (25,37%) no soro é similar ao observado por Kousha et al. (2022) que detectou no soro Lactobacillus e Lacticaseibacillus. A diversidade de gêneros na microbiota do leite, soro e coalho é influenciada pelos microrganismos da glândula mamária, ápice do teto, equipamento de ordenha, ar, água, ração, grama e solo (TAPONEN et al., 2019; QUIGLEY et al., 2013).

Conclusão

Concluiu-se que análise metagenômica revela uma diversidade maior da microbiota do soro com informações inovadoras tecnologicamente. Revelando nesta complexa a microbiota do soro, há microrganismos que apontam também para a necessidade de implementação de medidas de controle sanitário preventivo para garantir a segurança alimentar e reduzir o risco de contaminação por microrganismos patogênicos.

Agência de Fomento

FUNADESP-Fundação Nacional de Desenvolvimento do Ensino Superior Particular

Referências

BRASIL, 2019, Presidência da República, Secretaria-Geral, Subchefia para Assuntos Jurídicos. Dispõe sobre a elaboração e a comercialização de queijos artesanais e dá outras providências. Lei nº 13.860, de 18 de julho de 2019. Diário Oficial da União de 27.9.2019 - Edição extra-A

KOUSA, S.; AHARI, H.; KARIM, G. ANVAR, S.A.A. Identification of lactobacilli from milk enzymatic clots and evaluation of their probiotic and antimicrobial properties. Food Science and Technology. 42, e107721, 2022, DOI: https://doi.org/10.1590/fst.107721

QUIGLEY, L.; O'SULLIVAN, O.; STANTON, C.; BERESFORD, T.P.; ROSS, P.; FITZGERALD, G.F.; COTTER, P.D. The complex microbiota of raw milk. FMS Microbiology Review. 37 (2013) 664–698. DOI: 10.1111/1574-6976.12030

TAPONEN, S.; MCGUINNESS, D.; HIITIO, H.; SIMOJOK, H.; ZADOKS, R.; PYORALA, S. Bovine milk microbiome: a more complex issue than expected. Veterinary Research (2019) 50:44. https://doi.org/10.1186/s13567-019-0662-y