

ANÁLISE DA DINÂMICA DE SUCESSÃO DE LINHAGENS DE LEVEDURAS EM DORNAS DE FERMENTAÇÃO DURANTE A SAFRA DE PRODUÇÃO DE ETANOL

Jonas P. Souza¹, Anderson F. Cunha², Iran Malavazi³

1. Estudante de IC da Universidade Federal de São Carlos - UFSCar *jonasufscar@gmail.com

2. Pesquisador do Depto.de Genética e Evolução-Orientador, UFSCar, São Carlos/SP

3. Pesquisador do Depto.de Genética e Evolução-Co-orientador, UFSCar, São Carlos/SP

Palavras Chave: *Saccharomyces cerevisiae*, etanol resistente, termotolerantes.

Introdução

No Brasil a produção de etanol nas usinas de álcool ocorre através da fermentação do caldo de cana ou do melaço (subproduto da produção do açúcar), realizada pela via fermentativa da levedura *Saccharomyces cerevisiae*, que possui como produto o álcool e o CO₂. As cepas de arranque inoculadas no início da fermentação (linhagens comerciais da levedura *Saccharomyces cerevisiae*) nas dornas de fermentação são rapidamente superadas e substituídas por linhagens selvagens mais robustas que podem suportar as condições estressantes encontradas durante a fermentação (Silva et al., 2005). Com isso, este projeto tem por objetivo principal isolar e identificar por análises moleculares, a dinâmica de sucessão de linhagens da levedura *S. cerevisiae* nas dornas durante o processo de produção industrial de álcool e, assim, avaliar o potencial de resistirem a estresses de temperatura e álcool para maximizar a produção de etanol visando uma maior produtividade.

Resultados e Discussão

Para a análise de sucessão das linhagens ao longo da safra, foram realizadas 5 coletas entre os meses de julho e dezembro de 2011, para identificação das linhagens foi utilizado um kit de identificação de leveduras desenvolvido para esse propósito. Com isso, obteve-se os seguintes resultados: linhagem 001 foi identificada na 1^o e 2^o coleta; a linhagem 002 foi identificada na 1^o, 2^o e 5^o coleta; a linhagem 003 na 1^o e 2^o coleta; e as linhagens 025, 031 e 032 foram identificadas na 4^o e 5^o coleta, a figura 1 ilustra esses resultados. No total foram identificadas 38 linhagens distintas em toda a safra e as linhagens identificadas como 002, 022 e 025, foram as que apresentaram uma maior prevalência ao longo da safra, essas linhagens apresentam porcentagens de 10%, 9% e 6% respectivamente do total das linhagens identificadas.

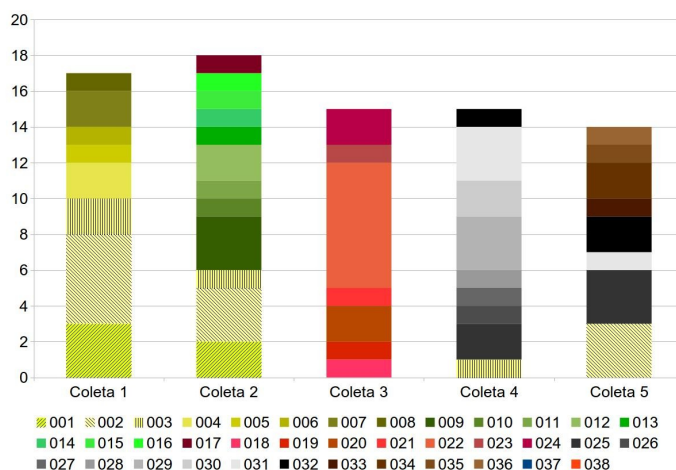


Figura 1. Linhagens identificadas ao longo de toda a safra.

Conclusões

Os resultados encontrados sugerem que as linhagens mais prevalentes identificadas ao longo da safra derivam da CAT-1, que foi a linhagem inoculada no início do processo fermentativo na usina, pois quando comparado o perfil genético da CAT-1 com essas linhagens, observou-se que a linhagem 002 difere em apenas uma região polimórfica determinado pelo primer 1, e as linhagens 022 e 025 diferem em duas regiões polimórficas amplificadas pelos primers 1 e 2. Ou ainda, que as linhagens 022 e 025 possam ter derivado da 002 por recombinação durante o processo fermentativo.

Agradecimentos

Usina São Luis e FAPESP

SILVA FILHO, E.A et al. Yeast population dynamics of industrial fuel ethanol fermentation process assessed by PCR-fingerprinting. Antonie van Leeuwenhoek 88: 13–23.