



Ministero della Giustizia

I giovedì di NEWTECH

WEBINAR giovedì 18 MARZO (ore 10-12) Il DNA nella caratterizzazione del Grana Padano DOP

Caratterizzazione dell'areale del Grana Padano DOP mediante analisi molecolare: metabarcoding del DNA vegetale residuale nel latte

A. Pozzi, R. Capoferri, G. Bongioni (IS - Istituto Spallanzani, Rivolta d'Adda)

Il metabarcoding del gene RuBisCo (*rbcL*) ha riguardato 39 campioni di latte provenienti dall'areale del Grana Padano DOP e 11 campioni di controllo (latte non proveniente dall'areale e campioni a componente vegetale nota). L'analisi bioinformatica dei dati ha evidenziato nel latte proveniente dall'areale del Grana Padano DOP un'alta variabilità di specie vegetali.

DNA metabarcoding per la valutazione della composizione e delle variazioni stagionali della comunità microbica di formaggio Grana Padano DOP

T. Bardelli, M. Zago, L. Rossetti, N. Nazzicari, D. Carminati, G. Giraffa (CREA-Centro di Ricerca Difesa e Certificazione, Milano; CREA-Centro di Ricerca Zootecnia e Acquacoltura, Lodi)

Il DNA metabarcoding della comunità microbica di Grana Padano applicato a oltre duecento formaggi prodotti con latte raccolto nella stagione invernale e primaverile ha permesso di evidenziare un'elevata biodiversità microbica, di cui le specie *Lacticaseibacillus rhamnosus*, *L. helveticus*, *L. delbrueckii*, e *Limosilactobacillus fermentum* rappresentano il 'core' microbiota. L'analisi statistica dei dati ha consentito inoltre di rilevare una variazione stagionale nell'abbondanza di molte specie microbiche.

DNA metabarcoding e DNA fingerprinting: strumenti per la differenziazione fra Grana Padano DOP e formaggi simili?

M. Zago, T. Bardelli, L. Rossetti, N. Nazzicari, D. Carminati, G. Giraffa (CREA-Centro di Ricerca Zootecnia e Acquacoltura, Lodi)

L'analisi del microbiota di formaggi Grana Padano DOP e simili attraverso l'utilizzo di tecniche molecolari coltura-indipendenti ha permesso di evidenziare un'elevata biodiversità, con la presenza di specie, come *Lacticaseibacillus rhamnosus*, *Lactobacillus helveticus* e *Streptococcus thermophilus*, ritrovabili in entrambi i gruppi, sebbene con un'abbondanza minore nei formaggi simili. L'analisi statistica ha permesso una preliminare discriminazione fra formaggi da latte nazionale rispetto a simili, ottenuti da latte UE.

Modera: Giorgio Giraffa (CREA-Centro di Ricerca Zootecnia e Acquacoltura, Lodi)