

BARTOSZ HORNIK ¹, JAKUB CZARNY ¹, JUSTYNA STANINSKA-PIĘTA ², ŁUKASZ WOLKO ³, PAWEŁ CYPLIK ⁴ AND AGNIESZKA PIOTROWSKA-CYPLIK ²

¹Instytut Genetyki Sądowej w Bydgoszczy

²Katedra Technologii Żywności Pochodzenia Roślinnego, Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

³Katedra Biochemii i Biotechnologii, Wydział Rolnictwa, Ogrodnictwa i Biotechnologii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

⁴Katedra Biotechnologii i Mikrobiologii Żywności, Wydział Nauk o Żywności i Żywieniu, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

MIKROBIOTA SUROWEGO MLEKA Z GOSPODARSTW NISKOTOWAROWYCH CHARAKTERYSTYKA METODĄ ANALIZY NGS

Celem pracy była analiza mikrobiomu mleka surowego pochodzącego z trzech gospodarstw niskotowarowych (A, B i C) zlokalizowanych na terenie województwa kujawsko-pomorskiego w Polsce. Skład mleka spożywczego oceniano na podstawie sekwencjonowania genu 16S rRNA przy użyciu platformy Ion Torrent. Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono istotne zmiany w składzie mikrobiomu mleka w zależności od miejsca jego pochodzenia. W mleku zebranym z gospodarstwa A dominowały bakterie z rodzajów *Bacillus* (17,0%), *Corynebacterium* (12,0%) i *Escherichia-Shigella* (11,0%). W przypadku mleka z gospodarstwa B dominowały bakterie z rodzaju *Acinetobacter* (21,0%), natomiast w próbce z fermi C dominowały *Escherichia-Shigella* (24,8%) i *Bacillus* (10,3%). Dokonano analizy za pomocą narzędzia PICRUSt (Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States) w celu wygenerowania profilu genów odpowiedzialnych za metabolizm bakterii. Przeprowadzona analiza potwierdziła zróżnicowanie profilu genów odpowiedzialnych za metabolizm bakterii we wszystkich badanych próbkach. Natomiast jednoczesna analiza sześciu ortologów KEGG (KO), które uczestniczyły w oporności na beta-laktamy odpowiedzialnej za antybiotykooporność bakterii, wykazała, że nie ma istotnego związku pomiędzy przewidywanym występowaniem tych ortologów a miejscem bytowania mikroorganizmów. Można zatem przypuszczać, że oporność bakterii na antybiotyki beta-laktamowe występuje niezależnie od niszy środowiskowej, a utrzymująca się w populacji antybiotykooporność jest czynnikiem kształtującym strukturę funkcjonalną konsorcjów drobnoustrojów.

Odnosnik do oryginalnej pracy:

<https://www.mdpi.com/1420-3049/26/16/5029>