

AGNIESZKA OLEJNIK-SCHMIDT, BERNADETA PIETRZAK , IWONA KAWACKA , KLAUDIA MALAK,
WERONIKA WAWRZY尼亚K AND MARCIN SCHMIDT

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

**PROSTA METODA OCENY RÓŻNORODNOŚCI I DYNAMIKI SPOŁECZNOŚCI DROBNOUSTROJÓW:
PORÓWNANIE FAGÓW MLECZNYCH POCHODZĄCYCH Z FERMENTACJI PRZEMYSŁOWEJ I
SPONTANICZNEJ**

Przemysł mleczarski w dużym stopniu opiera się na procesach fermentacji, w których w dużej mierze biorą udział bakterie *Lactococcus lactis*. Proces fermentacji może zostać zakłócony lub nawet zatrzymany przez aktywność bakteriofagów, co prowadzi do całkowitej utraty wsadu fermentacyjnego lub obniżenia jakości produktu. Monitorowanie różnorodności fagów i dynamiki procesu pozwala na wdrożenie środków ochronnych (np. Rotacja starterów) w celu utrzymania niezakłóconej produkcji. Metody: Do amplifikacji sekwencji fagów typu *Lactococcus* 936, c2 i P335 zastosowano startery uniwersalne. Amplikony sekwencjonowano metodą Sangera, a otrzymane zdegenerowane sekwencje analizowano za pomocą prostego rurociągu bioinformatycznego w środowisku R. Wyniki: Najbardziej rozpowszechnionym typem faga jest 936, następnie P335, natomiast rzadziej występuje typ c2. Wnioski: Sery twarogowe przygotowywane na mleku niepasteryzowanym, bazującym na rodzimej mikroflorze mleka, charakteryzowały się większym zróżnicowaniem fagów, odmiennych od fagów występujących w zakładach mleczarskich. Sekwencjonowanie heterogennych amplikonów wygenerowanych na metagenomowym DNA metodą Sangera można wykorzystać do oceny różnorodności mikroflory o niskiej złożoności.

Odnosić do oryginalnej pracy:

<https://www.mdpi.com/2076-3417/11/19/8915>