

# Analiza mikrobiomu serów długo-dojrzewających oraz sera pleśniowego produkowanych w Gospodarstwie Rolnym Ślesin



Weronika Goraj<sup>1</sup>, Agnieszka Kuźniar<sup>1</sup>, Klaudia Badaszek<sup>1</sup>, Jacek Podlewski<sup>2</sup>, Agnieszka Wolińska<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Katedra Biologii i Biotechnologii Mikroorganizmów, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, ul. Konstantynów 1 I, 20-708 Lublin, weronika.goraj@kul.pl.

<sup>2</sup> Fundacja Potulicka, Wojnowo 5, 86-014 Sienko.

## WSTĘP

Mikrobiom sera odgrywa kluczową rolę w procesie produkcji i dojrzewania serów w istotny sposób wpływając na ich właściwości organoleptyczne i fizykochemiczne. W skład mikrobiomu serów wchodzi dwie podstawowe grupy: mikrobiota starterowa (zasadnicza i pomocnicza) i mikrobiota niestarterowa. Sekwencjonowanie wysokoprzepustowe umożliwia kompleksowe rozpoznanie mikrobiomu serów, uwzględniając wpływ procesów produkcyjnych, warunków klimatycznych, zmienności sezonowej, wykorzystanego mleka surowego lub pasteryzowanego i wielu innych czynników które mogą mieć wpływ na mikrobiom jakości serów.

## CEL PRACY

Celem pracy była charakterystyka taksonomiczna mikrobiomu serów długo-dojrzewających oraz sera pleśniowego produkowanych przez Gospodarstwo Rolne Ślesin.

## MATERIAŁY I METODY

Materiał badawczy stanowiły 4 rodzaje serów:

- Dworski (D) - dojrzewający 3 miesiące,
- Hrabiny (H) – dojrzewający 6 miesięcy,
- Hrabiego Kazimierza (Hk) - dojrzewający 12 miesięcy
- ser pleśniowy (P)



Rys. 1 Materiał badawczy - sery dostępne w Spizarni Hrabiny Potulickiej oraz dojrzewalnia serów długo-dojrzewających należąca do Gospodarstwa Rolnego Ślesin.

Do produkcji serów wykorzystane zostały następujące kultury startowe:

- **ser Dworski** – kultura starterowa DL 3,5 OMEGA: *Lactococcus Crémoris* et *Lactococcus Lactis* i *Lactococcus Diacetylactis*, *Leuconostoc cremoris*, *Lactococcus Thermophilus* oraz DL-1 YOTA 1 zawierająca gazujące szczepy *Propionibacterium*.
- **ser Hrabiny** – kultura starterowa DL 3,5 OMEGA: *Lactococcus Crémoris* et *Lactococcus Lactis* i *Lactococcus Diacetylactis*, *Leuconostoc cremoris*, *Lactococcus Thermophilus* oraz DL-1 YOTA 2: niegazujące szczepy *Propionibacterium*
- **ser Hrabiego Kazimierza** – kultura starterowa DL 3,5 KAPPA 1: *Streptococcus thermophiles*, *Lactobacillus delbrueckii* i *Lactobacillus helveticus*, *Lactococcus lactis* oraz DL-1 YOTA 2: niegazujące szczepy *Propionibacterium*.
- **ser pleśniowy** – kultura starterowa zawierająca: *Lactococcus lactis* i *Streptococcus salivarius subsp. Thermophilus* oraz kultura SIGMA 15 będąca skoncentrowaną mieszką sporów *Penicillium Roqueforti*.

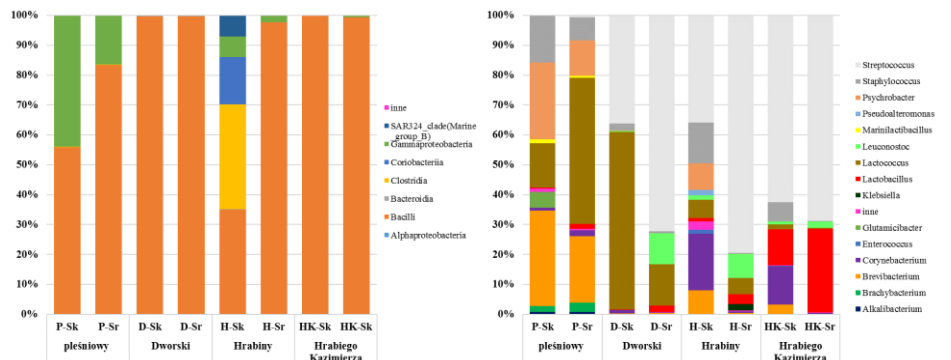
Materiał pobrano ze środku serów (Sr) oraz z okolic skórki (Sk). DNA genomowe wyizolowano zestawem Genomic Mini AX Food (A&A Biotechnology). Społeczność bakterii oraz grzybów została określona poprzez sekwencjonowanie następnej generacji (MiSeq Illumina, Genomed S.A.).

Literatura:  
Juszczuk-Kubiak, E., et al. 2021. "Technologie" food-omics" w profilowaniu metagenomu żywności. *Postępy Mikrobiologii*, 60(1).  
Yeluri Jonnala, B., et al. 2018. Sequencing of the cheese microbiome and its relevance to industry. *Frontiers in microbiology*, 9, 1020.  
<https://spizarnihrabiny.pl/>

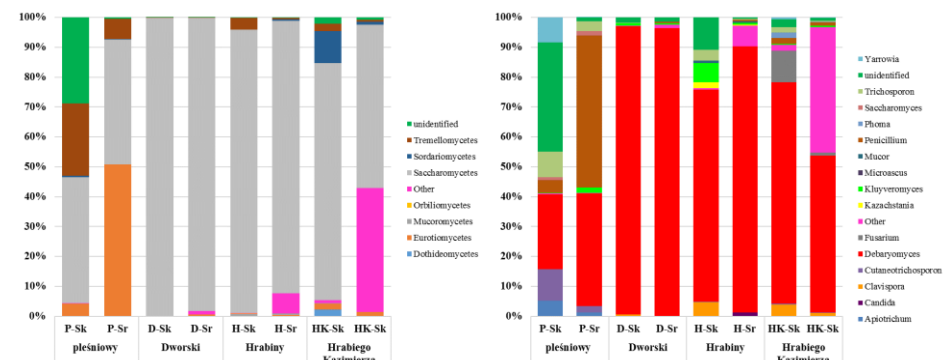
Badania sfinansowane przez Fundację Potulicką (1/6-40-21-10-0603-0018-0049). Autorzy dziękują Zarządowi Fundacji Potulickiej oraz Panu Jerzemu Dejkowi za udostępnienie prób do badań.

## WYNIKI

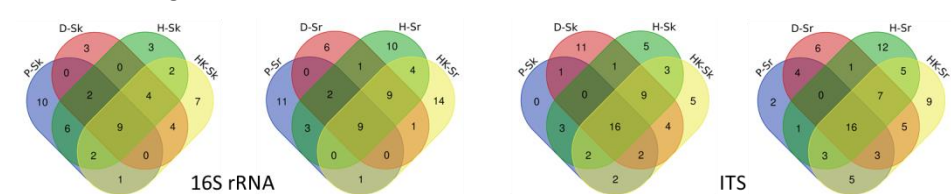
Mikrobiom serów tworzyły zarówno mikroorganizmy będące kulturami starterowymi (*Lactococcus*, *Propionibacterium*, *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Penicillium*, *Saccharomyces*), jak i inne mikroorganizmy, rozwijające się intensywnie podczas dojrzewania serów, które stanowiły 40-94%. W serze pleśniowym były to mikroorganizmy z rodzajów: *Brevibacterium*, *Lactococcus*, *Psychrobacter*, *Debaryomyces*, *Cutaneotrichosporon* a w pozostałych serach m.in.: *Corynebacterium*, *Leuconostoc*, *Debaryomyces* oraz *Streptococcus* (Rys. 2-4).



Rys. 2 Względna obfitość dominujących (stanowiących więcej niż 0,5% społeczności) bakterii na poziomie klasy i rodzaju (%) zidentyfikowanych w serach. Pozostałe taksony zebrano w kategorii inne.



Rys. 3 Względna obfitość dominujących (stanowiących więcej niż 0,5% społeczności) grzybów na poziomie klasy i rodzaju (%) zidentyfikowanych w serach. Pozostałe taksony zebrano w kategorii inne.



Rys. 4 Diagramy Venna przedstawiające wspólne rodzaje bakterii oraz grzybów dla okolic skórki (Sk) i środkowej części (Sr) poszczególnych serów.

## WNIOSKI

1. Analizowane sery były zróżnicowane pod względem struktury społeczności bakterii i grzybów.
2. Jakościowy i ilościowy skład mikrobiomu serów różnił się zależnie od miejsca pobrania próby (okolic skórki lub środek sera).
3. W serach dojrzewających liczba taksonów na poszczególnych poziomach taksonomicznych wzrastała wraz z długością czasu dojrzewania serów.
4. W serach dojrzewających (Dworski, Hrabiny, Hrabiego Kazimierza) wśród bakterii dominował rodzaj *Streptococcus*, który zidentyfikowano w każdej z prób, zarówno w próbie ze skórki jak i ze środka sera.
5. Dominującym rodzajem grzybów we wszystkich analizowanych próbach serów długo-dojrzewających był rodzaj *Debaryomyces*.
6. W serze pleśniowym dominującym rodzajem grzybów był rodzaj *Penicillium*, natomiast dominującymi rodzajem bakterii był rodzaj *Lactococcus* (środek) oraz *Brevibacterium* (skórka).