

Biofilm bakteryjny ścian i sufitów tradycyjnej dojrzewalni serów Gospodarstwa Rolnego Ślesin



Weronika Goraj¹, Katarzyna Kagan¹, Agnieszka Kuźniar¹, Sara Jurczyk², Jacek Podlewski³, Agnieszka Wolińska¹

1. Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Wydział Medyczny, weronika.goraj@kul.pl
2. Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Wydział Nauk Przyrodniczych i Technicznych
3. CGFP Sp. z o.o., Wojnowo 5, 86-014 Sicienko

Wstęp

Gospodarstwo Rolne w Ślesinie w ramach „Spizarni Hrabiny Potulickiej” zajmuje się, zgodnie ze starą recepturą, produkcją tradycyjnego sera ze świeżego mleka, prosto od ślesińskich krów.

Cel

Identyfikacja autochtonicznej mikrobioty (bakterii i grzybów) obecnej na ścianach i sufitach dojrzewalni serów długo dojrzewających należących do Spizarni Hrabiny Potulickiej.

Materiały i Metody

Próbki biofilmów (PD - opisane w tabeli poniżej) pobrano ze ścian i sufitów dojrzewalni serów długo dojrzewających za pomocą sterylnych narzędzi.

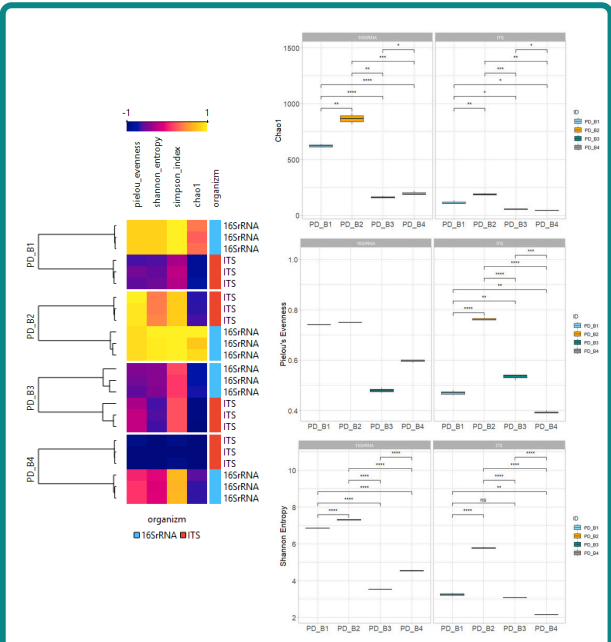


Sample ID	lokalizacja	materiał
PD_B1	ściana	cegła
PD_B2	ściana	kamień
PD_B3	sufit	cegła
PD_B4	sufit	cegła

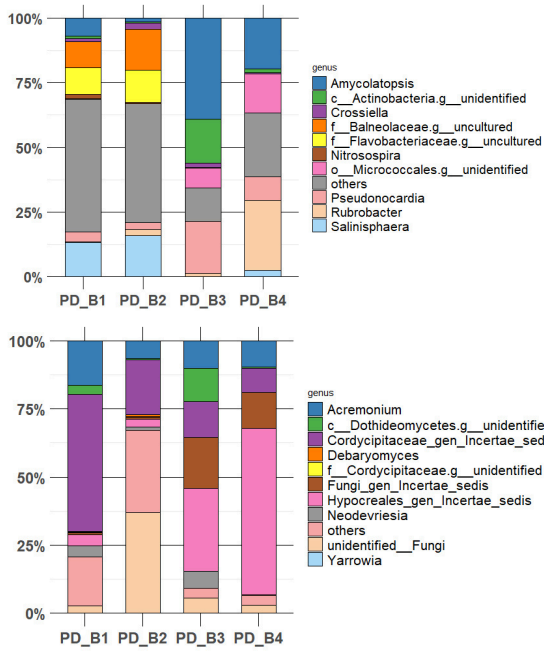
Ekstrakcję DNA z biofilmu przeprowadzono przy użyciu zestawu DNeasy®PowerLyzer® PowerSoil® Kit (QIAGEN). Analizę DNA populacji bakteryjnych i grzybów przeprowadzono w obrębie hiperzmiennego regionu V3-V4 genu 16S rRNA i regionu ITS. Sekwencjonowanie NGS (MiSeq, Illumina), Genomed S. A., Warszawa).

Wyniki

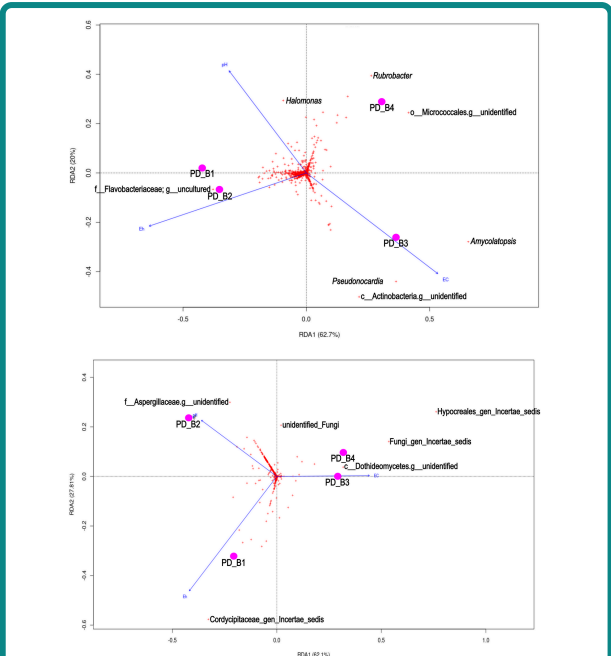
- Bioróżnorodność zarówno bakterii, jak i grzybów w biofilmach rozwijających się na ścianach dojrzewalni serów była **wyższa w porównaniu z tymi na suficie** (wskaźniki bioróżnorodności były o około 30% wyższe) (**Rys.1**).
- Dominujące rodzaje bakterii: *Amycolatopsis* (do 39%), *Pseudonocardia* (do 20%), *Salinisphaera* (około 15%) oraz niehodowalne mikroorganizmy należące do rodzin Balneolaceae (do 16%) i Flavobacteriaceae (do 12%), (**Rys.2**).
- Dominujące grzyby zidentyfikowane na poziomie rodzaju: *Cordycipitaceae_gen_Incertae_sedis* (do 50%), *Acremonium* (do 16%), *Hypocreales_gen_Incertae_sedis* oraz *Neodevriesia* (do 4%), (**Rys.2**).



Rys.1. Alfa-bioróżnorodność rodzajów bakterii i grzybów zasiedlających biofilmy. Wykresy pudełkowe prezentują tylko różnice istotne statystycznie wskaźniki bioróżnorodności (* ≤ 0.05, ** ≤ 0.01, *** ≤ 0.001).



Rys.2. Względna obfitość bakterii i grzybów zasiedlających biofilmy.



Rys.3. Właściwości fizykochemiczne biofilmów oraz analiza RDA

- Różne taksony kształtujące biofilm mają wyraźne preferencje względem zmiennych środowiskowych.
- **EC i pH** były najważniejszymi zmiennymi kształtującymi skład mikrobiomu, szczególnie dla bakterii z rzędu *Pseudonocardiales* (*Amycolatopsis* i *Pseudonocardia*) oraz grzybów z klasy *Dothideomycetes* (**Rys.3**).

Sample ID	pH	Eh	EC	TC	IC
PD_B1	8.13	157.83	4.78	1.67	1.35
PD_B2	8.37	120.33	5.29	2.12	1.89
PD_B3	7.81	126.17	122.6	1.59	1.41
PD_B4	8.36	99.23	2.87	1.84	1.65

Wnioski



Bioróżnorodność mikroorganizmów w biofilmach rozwijających się w dojrzewalni serów produkowanych przez Gospodarstwo Rolne Ślesin zależała od lokalizacji (wyższa w biofilmach pobranych ze ścian niż sufitu).



W biofilmach dominowały następujące rodzaje bakterii: *Amycolatopsis*, *Pseudonocardia*, *Salinisphaera* i grzybów: *Cordycipitaceae_gen_Incertae_sedis*, *Acremonium*, *Hypocreales_gen_Incertae_sedis* oraz przedstawiciele klasy *Dothideomycetes*.



Wśród analizowanych parametrów fizykochemicznych na strukturę taksonomiczną biofilmów miały wpływ głównie poziom EC i pH.

Finansowanie



Fundacja Potulicka: Analiza mikrobiomu serów...(1/6-40-21-10-0603-0018-0049)