

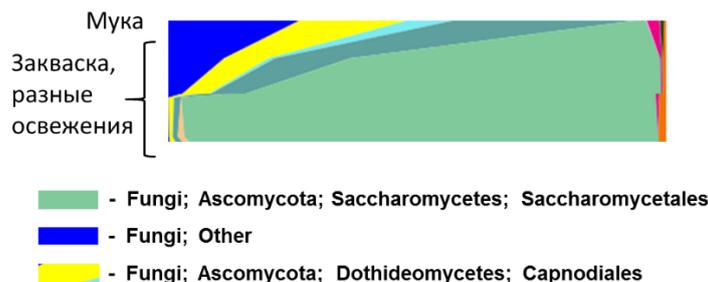
Изменение популяции дрожжей ржаной хлебной закваски при длительном ведении

^{1,2}Хлесткин В.К.

¹Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, г. Санкт-Петербург

²Санкт-Петербургский филиал ФГАНУ Научно-исследовательский институт хлебопекарной промышленности, г. Санкт-Петербург; dir2645@yandex.ru

Хлебная закваска с химико-биологической точки зрения представляет собой биополимерную гидроколлоидную матрицу с развивающимся в ней микробным сообществом, чаще всего включающим в себя дрожжи и молочнокислые бактерии. Несмотря на важность этого полуфабриката для человечества, процессы, происходящие в нем, до сих пор до конца не изучены, хотя представляют определенный интерес с точки зрения поиска новых штаммов микроорганизмов и их биологически активных метаболитов. Между тем, в литературе имеются данные, что дрожжевой состав закваски зависит от условий ее ведения, в частности, температуры. При этом эволюция бактериальных сообществ в заквасках, ведомых при одинаковых температурах, не обязательно следовала по единому пути и изменения в доминантных и субдоминантных бактериальных сообществах происходили даже после шести недель обновления [1]. В данной работе проводится изучение динамики изменений микробиома и метаболома, происходящих в ржаных заквасках при их длительном ведении (до 86 освежений). Для исследования дрожжевого метабенома ржаной закваски были приготовлены ампликонные библиотеки фрагментов ITS последовательности рибосомального оперона с праймерами, специфичными для грибного биома, проведен анализ нуклеотидной последовательности полученных ПЦР фрагментов методом высокопроизводительного секвенирования по технологии Illumina для тотальной ДНК, выделенной при обработке образцов разводного цикла и после разного числа циклов освежения. Показано, что в отличие от бактериологического состава, грибной состав закваски довольно быстро стабилизировался и оставался практически неизменным на протяжении производственного цикла в 86 освежений с доминированием дрожжей *Saccharomyces*.



Работа выполнена при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (грант № 19-016-00085). Работа проводилась с использованием оборудования ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ.

Литература

1. Bessmeltseva, M., Viiard, E., Simm, J., Paalme, T., & Sarand, I. (2014). Evolution of Bacterial Consortia in Spontaneously Started Rye Sourdoughs during Two Months of Daily Propagation. PLoS ONE, 9, 4, e95449.