

химические и органолептические показатели готового творога соответствуют требованиям СТБ 315-2017.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Липатов, Н. Н. Восстановленное молоко (теория и практика производства восстановленных молочных продуктов) / Н. Н. Липатов, К. И. Тарасов; под ред. Н. Н. Липатова. – Москва: Агропромиздат, 1985. – 256 с.

УДК 543.95:579.864

### СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНА 16S rRNA ГЕТЕРОФЕРМЕНТАТИВНЫХ БАКТЕРИЙ РОДА *LACTOBACILLUS*

Тарашкевич Ю. С., Бирюк Е. Н.

РУП «Институт мясо-молочной промышленности»

г. Минск, Республика Беларусь

Оптимизация известных молекулярно-генетических методик индикации и точной видовой идентификации бактерий рода *Lactobacillus* является актуальной, практически значимой и своевременной задачей, которой уделяется большое внимание как отечественными, так и зарубежными исследователями. Однако, несмотря на углубленное изучение этого вопроса, на настоящий момент еще отсутствует оптимальная унифицированная лабораторная методика на основе ПЦР, позволяющая проводить индикацию и идентификацию видов рода *Lactobacillus* [1].

Согласно литературным данным, зачастую для дизайна родо- и видоспецифичных праймеров используют нуклеотидные последовательности генов 16S и 23S rRNA и гипервариабельный интерспейсерный регион (ITS), который разделяет вышеуказанные локусы [2].

Цель исследований – изучить возможность использования нуклеотидной последовательности гена 16S rRNA в качестве молекулярной мишени для конструирования видоспецифичных праймеров для бактерий *Lb. brevis*, *Lb. buchneri*, *Lb. fermentum*, *Lb. reuteri*.

Объектами исследования являлись нуклеотидные последовательности гена 16S rRNA четырех видов лактобацилл: *Lb. brevis*, *Lb. buchneri*, *Lb. fermentum*, *Lb. reuteri*. Поиск референтных последовательностей осуществляли в биоинформационной базе данных NCBI GenBank [3]. Список референтных последовательностей и номера, под которыми они были депонированы, приведен в таблице.

Таблица – Референтные штаммы из базы данных GenBank

Код доступа	Видовая принадлежность
NC_008497.1, NC_020819.1, NZ_CP015338.1, NZ_CP024635.1, NZ_CP033885.1	<i>Lb. brevis</i>
NC_NC_015428.1, NC_018610.1	<i>Lb. buchneri</i>
NC_010610.1, NC_017465.1, NC_021235.1, NZ_AP017973.1, NZ_CP011536.1	<i>Lb. fermentum</i>
NC_009513.1, NC_010609.1, NC_015697.1, NC_021494.1, NZ_LN906634.1	<i>Lb. reuteri</i>

Выравнивание нуклеотидных последовательностей осуществляли в программе MEGA6 с последующей ручной корректировкой. Было выявлено несколько участков, обладающих наибольшей гетерогенностью: 70-114, 198-362, 469-526, 1025-1070, 1293-1299, 1476-1520 п. н. Данные области являются перспективными при конструировании праймеров для вышеуказанных видов бактерий.

Филогенетическое дерево построено с использованием Neighbor-Joining кластерного метода расчета генетических расстояний и bootstrap анализа, отражающего достоверность кластеризации (рисунок). Значения бутстрапа вычислены на основании анализа 500 деревьев.

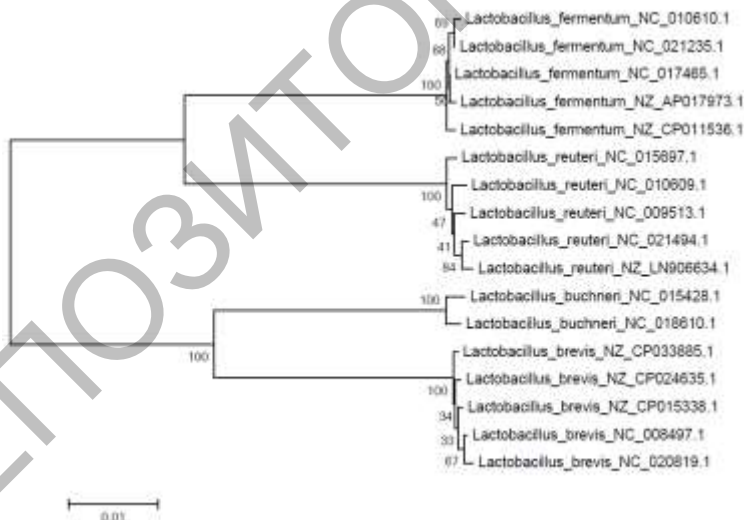


Рисунок – Филогенетическое дерево, основанное на анализе фрагментов гена 16S rRNA, отражающее родственные связи штаммов бактерий рода *Lactobacillus*

Как видно из представленных данных, все 4 вида бактерий фор-

мируют отдельные филогенетические кластеры с высоким уровнем бутстрапа (100), что свидетельствует о возможности использования последовательности гена 16S rRNA в качестве молекулярной мишени для конструирования видоспецифичных праймеров для бактерий *Lb. buchneri*, *Lb. brevis*, *Lb. reuteri*, *Lb. fermentum*.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Точилина, А. Г. Биохимическая и молекулярно-генетическая идентификация бактерий рода *Lactobacillus*. дис... канд. биол. наук. – Н. Новгород, 2009. – 148 с.
2. Шевцов, А. Б. Идентификация фенотипически и генетически близких видов *Lactobacillus* на основе анализа нуклеотидной последовательности генов 16S rRNA, GROEL, RPOB и RPLB / Шевцов, А. Б. и др. – 2011. – Т. 80. – № 5. – С. 659-668.
3. National Center for Biotechnology Information [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene/>. – Дата доступа: 05.02.2019.

УДК 637.136.5(047.31)

### ВЛИЯНИЕ ДЛИТЕЛЬНОСТИ ХРАНЕНИЯ НА ХАРАКТЕРИСТИКИ ЗАКВАСОК

**Титова О. А., Спиридонова И. А., Жабанос Н. К., Фурик Н. Н.,  
Савельева Т. А.**

РУП «Институт мясо-молочной промышленности»

г. Минск, Республика Беларусь

Концентрированные закваски являются востребованными, функционально необходимыми компонентами для изготовления молочных продуктов [1]. Срок годности заквасок при соблюдении условий хранения может достигать 8-18 мес. Гарантированное качество и надежность заквасок вне зависимости от срока хранения служат залогом стабильности качества и конкурентоспособности продукции [2]. Поэтому выявление закономерностей изменения основных показателей, характеризующих качество и стабильность заквасок на различных сроках хранения, не теряют актуальности.

Объектами исследований являлись сухие концентрированные закваски вида ТВ-М для изготовления творога и вида СМ-Мв для изготовления сметаны, содержащие лактококки (ТУ ВУ 00028493.394), изготовленные РУП «Институт мясо-молочной промышленности», хранившиеся в течение 8 мес при температуре минус  $(18\pm 1)^{\circ}\text{C}$ . Определение активной кислотности молочного сырья, ферментируемого исследуемыми заквасками, проводилось с помощью системы для контроля ферментации iCinac (АМС, France). В ходе исследований ферментацию проводили при температуре  $(30\pm 1)^{\circ}\text{C}$ . Графические зависи-