

kvasinek, plísni a BMK. Na základě jejich identifikace a fyziologických vlastností, mohou být posléze tyto kmeny užívány v dalších potravinářských technologiích. Z literatury i naší studie je patrné, že druhové spektrum kvasinek je rozmanité a nepředvídatelné. Během naší práce se nám povedlo vyizolovat a identifikovat druhy kvasinek (*Naumavozyma castelii*), které v literatuře jsou zmiňovány v jiných substrátech, než jsou kvasy, nebo je údajů o jejich výskytech v kvasech málo (*Kazachstania unispora*). V současné době existuje řada molekulárních metod, které významně posunuly identifikaci a taxonomii kvasinek. V našem případě jsme spojili metodu klasickou, kde jsme izolovali a rozočkovávali kmeny samostatně a následně identifikovali pomocí molekulárních metod. Při tomto způsobu může dojít k vynechání nějakého druhu. Existují však i možnosti, které umožňují například zachytit celé spektrum kvasinkové DNA v daném vzorku (denaturační gelová elektroforéza) a následně identifikovat druhové složení bez ztráty, ke které může dojít během klasické izolace.

Literatura:

- DE VUYST, L., NEYSENS, P. (2005): The sourdough mikrobióla: biodiversity and metabolic interactions. *Trends in food science & technology*, 16, s 43-56.
- DE VUYST, L., VRANCKEN, G., RAVYTS, F., RIMAUX, T., WECKX, S. (2009): Biodiversity, ecological determinants, and metabolic exploitation of sourdough microbiota. *Food microbiology*, 26(7), s 666-675.
- DI CAGNO, R., PONTONIO, E., BUCHIN, S., DE ANGELIS, M., LATTANZI, A., VALERIO, F., GOBBETTI, M., CALASSO M. (2014): Diversity of the lactic acid bacterium and yeast microbiota in the switch from form-to liquid-sourdough fermentation. *Applied and Environmental Microbiology*, 80(10), s. 3161-3172.
- FELL, J. W., BOEKHOUT, T., FONSECA, A., SCORZETTI, G., STATZELL-TALLMAN, A. (2000): Biodiversity and systematics of basidiomycetous yeast as determined by large-subunit rDNA D1/D2 domain sequence analysis. *International Journal of Systematics and Evolutionary Microbiology* 50: s 1351-1371.
- GÄNZLE, M. G. (2014): Enzymatic and bacterial conversions during sourdough fermentation. *Food Microbiology* 37, s 2-10.
- HALL, T.A (1989): BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl Ac Sym* 41: 95-98.
- HUYS, G., DANIEL, H-M. a DE VUYST, L. (2013): Taxonomy and biodiversity of sourdough yeast and lactic acid bacteria. V knize *Handbook of sourdough biotechnology*. (Gobbetti, M. and Gänzel, M. ed.) s. 105-154, Springer, New York.
- KURTZMAN, C. P., FELL J. W., BOEKHOUT T., Robert, V. (2011): Methods for isolation, phenotypic characterization and maintenance of yeast. V knize *The yeast a taxonomy study* (Kurtzman C. P., Fell J. W., Boekhout, T. ed.), s 87-128, Elsevier, London, UK.
- KURTZMAN, C. P. (2014): Use of gene sequence analyses and genome comparison for yeast systematics. *International Journal of Systematics and Evolutionary Microbiology*, 64, s 325-332.
- KURTZMAN, C. P., FELL J. W., BOEKHOUT T. (2011): Gene Sequence analyses and other DNA-based methods for yeast species recognition. V knize *The yeast a taxonomy study* (Kurtzman C. P., Fell J. W., Boekhout, T. ed.), s 87-128, Elsevier, London, UK.
- MEROTH, C. B., HAMMES, P. W., HERTEL, C. (2003): Identification and population dynamics of yeast in sourdough fermentation processes by PCR-Denaturing Gradient gel electrophoresis. *Applied and Environmental Microbiology*, s 7453-7461.
- LEPŠ, J. (1996) *Biostatistika*. Jihočeská univerzita, Biologická fakulta, České Budějovice, s. 160.
- PULVIRENTI, A., SOLIERI, L., GULLO, M., DE VERO, L. a GIUDICI, P. (2004): Occurrence and dominance of yeast species in sourdough. *Letters in applied microbiology*, 38, s 113-117.

- SAMSON, R., HOUBRAKEN, J., THRANE, U., FRISVAD J.C., ANDERSEN, B. (2010): *Food and Indoor Fungi*. CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, Utrecht, The Netherlands.
- SCHOCH, C. L., SEIFERT, K. A., HUHNDRORF, S., ROBERT, V., SPOUGE, J. L., LEVESQUE, A. C. CHEN, W., a FUNGAL BARCODING CONSORTIUM. (2012): Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for fungi. *PNAS*, 109 (16), s 6241-6246.
- KOZLINSKIS, E., SKUDRA, L., KLAVA, D., KUNKULBERGA, D. (2008): Characterization of rye sourdough mikrobióla. *Foodbalt*, 89 - 93.
- VRANCKEN, G., DE VUYST, L., VAN DER MEULEND, R., HUYS, G., VAM-DAMME, P. & DANIEL, H-M. (2010) Yeast species composition differs between artisan bakery and spontaneous BMKoratory sourdoughs. *FEMS Yeast research*, 10, s 471-481.
- TAMURA, K., STECHER, G., PETERSON, D., FILIPSKI, A., a KUMAR, S. (2013) MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30, s. 2725-2729.

Poděkování:

Práce vznikla za podpory projektu NAZV KUS QJ-1310256 a NAZV KUS QJ1515338.

Přijato do tisku: 10. 3. 2016

Lektorováno: 28. 3. 2016

PŘÍKLADY VYUŽITÍ VÝSLEDKŮ VÝZKUMU V PRAXI

V následujícím článku, který redakce Mlékařských listů převzala z odborného a stavovského týdeníku Zemědělec číslo 10/ 2016, výzkumná organizace - Výzkumný ústav živočišné výroby /VÚŽV/ seznamuje čtenáře - zemědělskou a potravinářskou veřejnost s vybranými výsledky aplikovaného výzkumu, které jsou dobře využitelné v praxi. Výzkumný ústav mlékařský /VÚM/, jako spolvydavatel Mlékařských listů využívá této příležitosti, aby jako předmluvu k převzatému článku zmínil svou spolupráci s VÚŽV při řešení některých výzkumných projektů. Jsme přesvědčeni, že návaznost výzkumu zemědělského a výzkumu potravinářského ve spolupráci se zemědělskou a potravinářskou praxí jsou tím správným směrem, kterým se náš výzkum v resortu zemědělství má ubírat. Jako příklad takové spolupráce uvádíme některé vybrané projekty spolupráce VÚM a VÚŽV. V rámci oponovaných projektů ve VÚŽV byly kromě výběru v převzatém článku i další projekty, na kterých VÚŽV spolupracuje s dalšími výzkumnými organizacemi a zemědělskými podniky, statek Horní Dvorce s.r.o., PET s.r.o. a Biofarma DoRa s.r.o.

Projekt "Výzkum faktorů ovlivňujících rentabilitu, kvalitu a bezpečnost mléka a mléčných produktů v chovech malých přežvýkavců v ČR" je řešen pod vedením odpovědné řešitelky ing. Jany Rychtářové Ph.D. Tento projekt je zaměřen na rozvoj malých mlékáren, kterých za poslední dva roky přibýlo v ČR cca 50. Na těchto farmách probíhá většinou návazně faremní produkce mléka a mléka a mléčných výrobků z různých druhů mlék pro spotřebu tzv. ze dvora. VÚŽV při řešení projektu spolupracuje s VÚM a ČZU.

Výzkum v oblasti faremní produkce mléka s jeho zpracováním na farmách otevírá nové možnosti sortimentu

mléčných produktů, hygieny získávání mléka a kvality výrobků, řeší problémy ekologie, zaměstnanosti. Cílem projektu je analyzovat současný stav inovace v managementu stád, získání znalostí mikrobiologické a nutriční hodnoty výrobků při dosažení maximálního zisku a neoddělitelnou součástí je i získání poznatků o genetické variabilitě vybraných genetických markerů v populaci dojených plemen ovcí a koz. Výsledkem výzkumu budou i vhodné návrhy nových receptur a technologií k rozšíření sortimentu mléčných výrobků z faremní produkce.

Dalším projektem spolupráce VÚM a VÚŽV je projekt "Vliv polymorfizmu lipogenických enzymů na složení mléčného tuku a obsah mastných kyselin v mléce malých přežvýkavců (kozy, ovce)". Tento projekt je opět řešen pod koordinací VÚŽV ve spolupráci s ČZU, VÚM, a Kozí farmou Pěnčín. Výsledkem projektu budou návrhy funkčních potravin s pozitivním efektem na lidské zdraví. Bude to i příspěvek k odhalení genetické varianty kandidátních genů na obsah mléčného tuku, zastoupení mastných kyselin, ověření vhodnosti krmných doplňků na bázi sladkovodních řas na nutriční a senzorické vlastnosti mléka, především s ohledem na obsah omega-mastných kyselin. Cílem je i analyzovat parametry chovného prostředí, které mohou mít potenciální vliv na kvalitativní a kvantitativní ukazatele produkce.

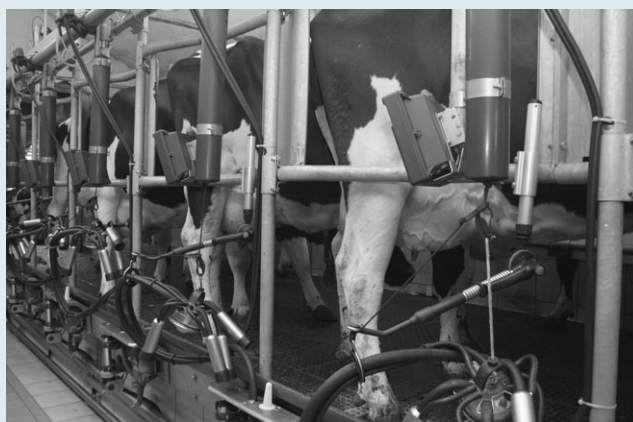
ZAMĚŘILI SE NA GENETIKU

Alena Ježková

Během tří lednových dnů se v prostorách hlavní budovy Výzkumného ústavu živočišné výroby v Uhřetěvsi konala oponentní projednávání zpráv o řešení projektů a dopadu jejich výsledků do praxe. Řešitelé představili celkem třináct výzkumných úkolů a poté odpovídali na případné dotazy oponentů. Oponentního řízení se zúčastnili rovněž zástupci univerzit i chovatelské veřejnosti. První den obhajob se týkal projektů, které se zaměřovaly hlavně na genetiku a šlechtění hospodářských zvířat.

Cílem projektu Výzkum genetických vztahů mezi dlouhověkostí, plodností, znaky zdraví vemene a končetin u skotu a ovcí je vyhodnotit genetické a negenetické vztahy mezi funkčními vlastnostmi u skotu a ovcí. Zaměřuje se na dlouhověkost, plodnost a znaky zdraví vemene a končetin. Výsledkem výzkumu bude návrh metodiky odhadu plemenných hodnot pro tyto znaky. Cílem bude souhrnný index pro funkční vlastnosti a znaky zdraví v České republice chovaných dojených plemen skotu. U ovcí a masného skotu se bude hodnotit hlavně dlouhověkost. Tak vzniknou předpoklady pro šlechtění plemen skotu a ovcí na dlouhověkost a u dojených plemen skotu rovněž na plodnost, odolnost proti mastitidám a nemocem končetin. Projekt se bude řešit v letech 2015-2018 a jeho odpovědným řešitelem je. Ing. Ludmila Zavadilová, CSc., z Výzkumného ústavu živočišné výroby v Uhřetěvsi

Ve zprávě o řešení úkolu za první rok bylo uvedeno, že u dojeného skotu vznikly první odhady genetických para-



metrů pro výskyt klinické mastitidy, skóre somatických buněk a dlouhověkost a reprodukci krav. Byl otestován model odhadu plemenných hodnot pro mastitidy s opakovatelností a výskytem mastitidy definovanou pro různá období laktace.

U masného skotu byla analyzována upravená databáze kontroly užítkovosti masného skotu (KUMP) za roky 1995-2014. U ovcí byla hodnocena databáze kontroly užítkovosti u nejpočetněji zastoupených plemen (charollais, romney, merinolandschaf, oxford down, romanovská ovce, šumavská ovce, suffolk, texel a valašská ovce). Byly hodnoceny průměrné generační intervaly, podíly jednotlivých věkových kategorií, vztah věku bahnice k užítkovým vlastnostem a počet obahnění v době vyřazení bahnice.

Pro letošní rok řešitelé plánují odhad plemenných hodnot u dlouhověkosti dojeného skotu lineárním modelem s náhodnou regresí, odhad plemenných hodnot pro plodnost krav, vyhodnocení databáze onemocnění končetin u dojeného skotu, vyhodnocení vztahu mezi znaky onemocnění vemene, plodností a dlouhověkostí, vyhodnocení dlouhověkosti u ovcí použitím nelineární regrese a ověření metod analýzy databáze KUMP a odhady genetických parametrů pro plodnost a přežitelnost masného skotu.

Genetika u koní

Cílem projektu s názvem Vývoj systému genetického hodnocení a optimalizace šlechtitelských postupů v populaci koní v ČR, plánovaného na roky 2015-2018, je vývoj genetického hodnocení a optimalizace šlechtitelských postupů v chovu vybraných plemen koní. Vyhodnotí se podkladové údaje, vytvoří se databáze v elektronické podobě. Poté se sestaví modelové rovnice pro odhad genetických parametrů a předpověď plemenných hodnot pro jednotlivé vlastnosti a následně na toto téma vzniknou metodiky. Důležitá bude také analýza populací koní zahrnutých do genových rezerv. Odpovědnou řešitelkou projektu je Ing. Zdeňka Veselá, Ph.D.

Během prvního roku řešení se připravily a analyzovaly podkladové databáze. Data lineárního popisu z Ústřední evidence koní obsahuje údaje o 60 plemenech koní od roku 1996, pro každého koně se hodnotí 22 znaků tělesné stavby, měří se rozměry těla a výsledky se shrnou do celkového hodnocení. Byla hodnocena statistická významnost

uvažovaných fixních efektů, kterými byly pohlaví, věk, plemeno, skupina vrstevníků.

Na letošní rok se pro projekt plánuje stanovení genetické diverzity uvnitř a mezi plemeny chladnokrevných koní v genetických zdrojích, rozbor stávajících databází jednotlivých plemen koní a stanovení populačně-genetických parametrů pro lineární popis zevnějšku chladnokrevných koní.

Hodnocení plemenných zvířat

Celostátní informační systém genetického hodnocení hospodářských zvířat je název projektu, který je zaměřen na úpravu stávajících a vývoj nových matematicko-statistických postupů genetického hodnocení hospodářských zvířat, včetně genetických parametrů, vhodných pro ČR, postupů umožňujících napojení na celosvětové hodnocení (Interbull, Interbeef) a jejich uplatnění v celostátním chovatelském informačním systému. Odpovědným řešitelem je prof. Ing. Josef Příbyl, DrSc. Cílem projektu je vývoj postupů genetického hodnocení hospodářských zvířat a zavedení do pravidelného chovatelského provozu.

Na první rok řešení, v roce 2015, byl naplánován vývoj algoritmů, proximace spolehlivostí plemenných hodnot (PH) a převod cizích PH. Řešenými okruhy byly PH, genomické PH (GEPH) a genetické parametry, úprava genomických údajů pro začlenění do genomického hodnocení, stanovení spolehlivostí PH, odregresování PH a zavedení nových postupů hodnocení zvířat do chovatelského provozu. Hodnotil se například, vliv pleménka na četnost vrhu u romanovských ovcí, vliv pohlaví telete na mléčnou užitkovost krav, stanovily GEPH pro zevnějšek holštýnského skotu, dále probíhalo genomické hodnocení plodnosti dojeného skotu a dlouhověkosti holštýnského skotu. Velmi důležitým výsledkem je, že Plemdat, jako první na světě, validoval mezinárodním standardem Interbull jednodokrové ssGBLUP stanovení GEPH pro mléčnou užitkovost.

Velmi důležitým výsledkem je, že Plemdat, jako první na světě, validoval mezinárodním standardem Interbull jednodokrové ssGBLUP stanovení GEPH pro mléčnou užitkovost.

Snížení ztrát mládřat

Projekt Šlechtění na přežitelnost mládřat v chovu ovcí a masného skotu, který je řešen již od roku 2013, má za cíl



vývoj systému genetického hodnocení pro přežitelnost jehňat a telat. Budou rovněž sledovány a ověřovány kandidátní znaky a vlastnosti související s přežitelností a stanoveny jejich genetické korelace ke ztrátám jehňat a telat masného skotu. Databáze se budou analyzovat, sestaví se modelové rovnice pro odhad genetických parametrů a předpovídání plemenných hodnot. Na závěr budou navržena a certifikovanými metodikami předána do praxe šlechtitelská opatření pro zvýšení životaschopnosti jehňat a telat masného skotu, zlepšení schopnosti matek porodit a odchovat potomstvo bez pomoci chovatele, a tedy snížení ztrát jehňat a telat a zvýšení celkové efektivity extenzivních pastevních systémů chovu masného skotu a ovcí. Odpovědným řešitelem projektu je Ing. Michal Milerski, Ph.D.

Funkční a reprodukční znaky prasat

Jedním z cílů úkolu Optimalizace Českého národního programu pro šlechtění prasat se zvláštním ohledem na funkční a reprodukční znaky, který je řešen od roku 2013, je vypočítat po analýze dat genetickou propojenost mezi chovy, zjistit efekt propojenosti na odhad PH otcovských a mateřských plemen prasat a navrhnout metodický postup pro zlepšení propojenosti mezi chovy. Vyberou se nejvhodnější funkční a reprodukční znaky, posoudí faktory na ně působící a navrhne metodika odhadu plemenných hodnot pro produkční, reprodukční a funkční znaky. Dalším cílem řešitelů je vyvinout software pro výpočet ekonomických vah komplexu vlastností prasat a selekční indexy. Odpovědným řešitelem je Ing. Emil Krupa, Ph.D.

V loňském roce patřily mezi aktivity projektu odhad genetických parametrů pro funkční znaky prasat, a to pro počet struků a dlouhověkost, a dále výpočet nákladů na chov prasat a jejich zpracování do vyvíjeného programu EWPIG.

Z dat ze šlechtitelských a rozmnožovacích chovů od roku 2000 byla zjišťována délka produkčního života ve dnech od data prvního oprasení do vyřazení u českého bílého ušlechtilého (ČBU) a české landrasy (ČL) a chovů s více než 50 prasnici.

Genetické parametry pro počet struků prasat byly vypočteny po analýze dat z kontroly užitkovosti a od chovatelů pro plemena ČBU a ČL bylo testováno více modelů s různou kombinací efektů. Další aktivitou byl rozbor nákladových položek v chovu prasat a jejich implementace do vyvíjeného programu EWPIG. V letošním roce se připraví finální verze programu EWPIG.

Kvalita mléka ovcí a koz

Další vědecký projekt, jehož odpovědným řešitelem je Ing. Zuzana Sztankóová, Ph.D., posuzuje vliv genetického polymorfismu lipogenických enzymů na složení mléčného tuku a obsah mastných kyselin v mléce malých přežvýkavců. Důležitým cílem je tvorba funkční potraviny a také odhalení vlivu genetických variant kandidátních genů na obsah mléčného tuku, zastoupení mastných kyselin

v mléce. Dalšími zájmy je ověřit vhodnost krmných doplňků na bázi sladkovodních řas na kvalitu mléka malých přežvýkavců a jejich vlivu na obsah omega-3 a omega-6 mastných kyselin. Konečným cílem bude navržení vhodných technologických postupů ke zlepšení dietetických vlastností mléčných produktů z kozího a ovčího mléka, analyzovat vybrané parametry chovného prostředí, které mohou mít na kvalitu produktů vliv.

Klíčové informace:

- Ve dnech 19.-21. ledna proběhla ve Výzkumném ústavu živočišné výroby, v. v. i., oponentní řízení průběžných zpráv projektů Národní agentury pro zemědělský výzkum (NAZV) a rozvoje organizace.
- Řešitelé obhajovali průběh řešení celkem dvanácti pětiletých úkolů za loňský rok.
- Pro sedm z nich byl rok 2015 prvním rokem projektu.



PERMEA
Membrane Conference of Visegrad Countries

15–19 May, 2016
Prague, Czech Republic

One place, one date, two conferences
where industry meets science...



MELPRO
membrane and electromembrane processes

www.permea2016.cz

Organised by Czech Membrane Platform **CZEMP**

IMUNOMODULAČNÍ EFEKT KRAVSKÉHO KOLOSTRA NA LIDSKÉ MONONUKLEARNÍ BUŇKY

**Hyršlová Ivana¹, Bártová Jiřina², Staňková Barbora³,
Janatová Tatjana², Krausová Gabriela¹,
Čurda Ladislav⁴, Kolesár Libor⁵**

¹ VÚM s.r.o. Praha, ² Stomatologická klinika, VFN Praha;

³ IV. Interní klinika, 1. LF UK, Praha; ⁴ Ústav mléka tuků
a kosmetiky, VŠCHT Praha, ⁵ IKEM, Praha

Immunomodulatory effects of bovine colostrum to human mononuclear cells

Abstrakt

Kolostrum je bohatým zdrojem esenciálních, bioaktivních a imunomodulačních látek pro výživu a růst mládat, ale také pro rozvoj jejich pasivní imunity. Kravské kolostrum je v současné době používáno v doplňcích stravy, proto bylo cílem této práce rozšířit znalosti o imunomodulačním efektu kravského kolostra. Imunomodulační efekt kravského kolostra byl porovnáván na základě produkce vybraných cytokinů lidskými mononukleárními buňkami (hPBMCs) po třídenní stimulaci obnoveným neodtučněným a odtučněným kravským kolostrum, které byly stanoveny pomocí multiplexové analýzy. Při stanovení imunomodulačního efektu došlo po stimulaci lidských mononukleárních buněk odtučněným kravským kolostrum ke zvýšené produkci Th2 cytokinů IL-10, IL-4 a IL-5 v porovnání s kravským mlékem. Zvýšená produkce IL-10 a IL-4 vede k inhibici produkce Th1 cytokinů.

Klíčová slova: kravské kolostrum, cytokiny, mononukleární buňky

Abstract

Colostrum is a rich source of essential, bioactive and immunomodulatory compounds important for a growth and a nutrition of newborns, and also for developing their passive immunity. In recent year, bovine colostrum is used in dietary supplements, therefore we decided to extend knowledges about the immunomodulatory effect of bovine colostrum to human health. The immunomodulatory effects of bovine defatted or fatted colostrum were compared on the basis of secretion of cytokines by human peripheral blood mononuclear cells (PBMCs) after the 3-day stimulation *in vitro*. Luminex multiplex analysis was used to analyze the production of cytokines. Our results has shown that bovine defatted colostrum stimulate the secretion of Th2 cytokines IL-10, IL-4 and IL-5 in compared with bovine