

SÁNCHEZ-GONZÁLEZ L., QUINTERO SAAVEDRA J. I., CHIRALT A. (2014): Antilisterial and physical properties of biopolymer films containing lactic acid bacteria. *Food Control* 35, (1), s. 200–206. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2013.07.001>.

SILVA S. P. M., TEIXEIRA J. A., SILVA C. C. G. (2023): Recent advances in the use of edible films and coatings with probiotic and bacteriocin-producing lactic acid bacteria. *Food Bioscience* 56, s. 1–13.

SVANSTRÖM Å., BOVERI S., BOSTRÖM E., MELIN P. (2013): The lactic acid bacteria metabolite phenyllactic acid inhibits both radial growth and sporulation of filamentous fungi. *BMC Res Notes* 6, 464. <https://doi.org/10.1186/1756-0500-6-464>.

Korespondující autor: Ing. Jana Jechová, CSc.
Výzkumný ústav mlékárenský s.r.o., Ke Dvoru 12a,
160 00 Praha 6, e-mail: j.jechova@vum-tabor.cz

Přijato do tisku: 11. 11. 2025

Lektorováno: 25. 11. 2025

MIKROBIÁLNÍ PROFILY SÝRŮ ZRAJÍCÍCH POD MAZEM VYRÁBĚNÝCH V ČR

Kristýna Kořená¹, Anna Klimešová², Martina Florianová¹,
Miroslava Krzyžánková¹, Helena Juřicová¹

¹ Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i., Brno

² Přírodovědecká fakulta, Masarykova Univerzita, Brno

MICROBIAL PROFILES OF SMEAR-RIPENED CHEESES PRODUCED IN THE CZECH REPUBLIC

ABSTRAKT

Sýry zrající pod mazem se vyznačují komplexní mikrobiotou, která hraje klíčovou roli při zrání, rozvoji chuti, struktuře a mikrobiologické bezpečnosti. Přestože se komerční výroba obvykle opírá o definované startovací a přídatné kultury, vlastnosti finálního výrobku jsou významně ovlivňovány i mikroorganismy z výrobního prostředí. Tato studie zkoumala mikrobiální složení sýrů zrajících pod mazem čtyř českých výrobců pomocí kultivačních i kultivačně nezávislých technik, včetně sekvenování genu pro 16S rRNA a sekvenování ITS regionů. Kultivací bylo ve všech analyzovaných vzorcích identifikováno 33 různých bakteriálních druhů. Složení mikrobioty identifikované sekvenovacími metodami odráželo podíl mezofilních i termofilních startovacích a přídatných kultur spolu s mikroorganismy pocházejícími z výrobního prostředí. Výsledky ukazují, že ačkoli se při komerční výrobě používá pasterované mléko a definované startovací kultury, mikrobiální diverzita je do značné míry ovlivněna specifickou mikrobiotou přítomnou v prostředí sýrárny.

Klíčová slova: sýr zrající pod mazem; mikrobiota sýrů; sekvenování genu pro 16S rRNA, sekvenování ITS regionů

ABSTRACT

Smear-ripened cheeses are distinguished by their complex microbiota, which play pivotal roles in ripening, flavour development, texture, and microbiological safety. Although commercial production typically relies on defined starter and adjunct cultures, microorganisms from the production environment also significantly shape the final product's characteristics. This study examined the microbial composition of smear-ripened cheeses from four Czech commercial manufacturers using culture and culture-independent techniques, including 16S rRNA gene sequencing and sequencing of internal transcribed spacers. A limited number of microorganisms was recovered by cultivation, with 33 different species identified across all samples. The microbiota composition identified by sequencing reflected the contribution of both mesophilic and thermophilic starter and adjunct cultures, alongside microorganisms originating from the production environment. The results indicate that although pasteurized milk and defined starter cultures are used in commercial production, the microbial diversity is largely influenced by the specific microbiota present in the cheese factory environment.

Keywords: smear-ripened cheese; cheese microbiota; 16S rRNA gene sequencing, ITS sequencing

ÚVOD

Mikroorganismy hrají při výrobě sýrů zrajících pod mazem zásadní roli a významně ovlivňují vývoj senzoryckých parametrů konečného výrobku. V současné době jsou při výrobě používány specifické mlékařské kultury, které umožňují standardizovat výrobní postupy, zlepšují kontrolu kvality sýrů a navíc poskytují ochranu před nežádoucími patogenními mikroorganismy.

Na počátku výroby sýrů se do mléka přidávají startovací kultury (SC, z angl. Starter Culture), které se skládají především z bakterií mléčného kvašení. Tyto bakterie jsou klíčové pro zahájení fermentačního procesu. Působením těchto kultur vzniká kyselé prostředí, které potlačuje růst nežádoucí mikroflóry, včetně mikroorganismů způsobujících kažení nebo technologické vady produktu (Fox a McSweeney, 2004). Podle optimální teploty růstu se startovací kultury rozděluje na mezofilní a termofilní. Toto rozdělení je důležité pro volbu vhodného typu kultury při výrobě různých druhů sýrů, protože změny teploty ovlivňují aktivitu bakterií, a tím i proces výroby a zrání sýrů.

Při výrobě sýrů zrajících pod mazem bývají na povrch sýra aplikovány také doplňkové (sekundární) kultury, které kromě bakterií zahrnují i kvasinky. Tyto mikroorganismy mají důležitou funkci při vytváření měkké a vlhké kůry charakteristické pro sýry zrající pod mazem (Brennan a kol., 2004). Bakterie rozkládají bílkoviny a tuky v sýru, což vede k produkci aromatických sloučenin, jako je čpavek a síra, které významně přispívají k výraznému

aromatu sýra. Mezi používané druhy patří např. *Brevibacterium linens* (nově klasifikováno jako *Brevibacterium aurantiacum*), *Brevibacterium casei*, *Staphylococcus equorum* a příležitostně také *Microbacterium gubbeenense*, *Glutamicibacter* spp. nebo *Corynebacterium casei* (Bockelmann, 2010; Brennan a kol., 2004). Vývoj povrchové mikrobioty dále podporují kvasinky, konkrétně např. *Debaryomyces hansenii* odkyseluje prostředí sýra a podporuje růst mazových bakterií (Bockelmann, 2002). K organoleptickým vlastnostem sýra přispívají i další kvasinky, jako jsou *Geotrichum candidum*, *Kluyveromyces marxianus* a *Candida crusei* (Bockelmann a kol., 2005).

Již dříve bylo zjištěno, že kromě startovacích a doplňkových kultur jsou v mikrobiotě sýra přítomny i další mikroorganismy. Ty se vyskytují zejména v povrchovém mazu a pocházejí z prostředí sýrárny, např. solných lázní nebo zrajících ploch (Korena a kol., 2023; Mounier a kol. 2005). Tato takzvaná „domácí mikrobiota“ může zahrnovat různé halofilní a psychrotolerantní mikroorganismy, jako jsou *Psychrobacter* spp., *Vibrio* spp., *Pseudomonas* spp. a *Vagococcus* spp. Tyto mikroorganismy mohou inhibovat růst záměrně přidaných kultur a mohou také ovlivnit vlastnosti konečného výrobku.

Sýry zrající pod mazem jsou dobře známé a vyrábějí se převážně v evropských zemích, jako je Rakousko, Belgie, Německo a Francie. V této studii jsme se zaměřili na sýry zrající pod mazem vyrobené v ČR a dostupné na českém maloobchodním trhu. Cílem této studie bylo prozkoumat mikrobiální složení různých sýrů zrajících pod mazem a porovnat zastoupení záměrně přidaných startovacích a přídavných kultur a domnělé domácí mikrobioty.

MATERIÁL A METODY

Zpracování vzorků a extrakce DNA

Sýry zrající pod mazem čtyř výrobců z České republiky byly zakoupeny v maloobchodní síti. Vzorky z jedné výrobní šarže byly analyzovány ve třech až čtyřech opakováních – první vzorek sýra byl zpracován ihned po zakoupení výrobku, poslední vzorek v den expirace a zpracování ostatních vzorků bylo rozloženo do tohoto intervalu. Časový interval mezi jednotlivými odběry byl 7–10 dní. Sýry nebyly podrobeny chemickému rozboru. Obsah bílkovin, tuků, sacharidů a soli byl zdokumentován na základě údajů uvedených výrobcem na obalu (tab. 1).

Pro extrakci DNA bylo 25 g sýra homogenizováno v 225 ml fosfátového pufovaného roztoku (PBS, Oxoid, UK) doplněného 0,2 % (v/w) Tween 80. Následně bylo 10 ml homogenátu centrifugováno (12 000 g/30 min/4 °C) a promyto PBS. Z pelety byla pomocí soupravy DNeasy PowerFood (Qiagen, Německo) izolována DNA. Počáteční homogenizační krok byl proveden pomocí přístroje MagNALyzer (Roche, Švýcarsko). Koncentrace DNA byla stanovena spektrofotometricky pomocí NanoDrop One (Thermo Scientific, USA) a fluorometricky pomocí

Tab. 1 Obsah bílkovin, tuků, sacharidů a soli (g/100 g) uvedený výrobcí

Sýr	Bílkoviny	Tuky	Sacharidy	Sůl
A	22	20	1,5	2
B	28	0,5	2,6	4,5
C	22,7	22	1,4	2,8
D	33,2	0,58	0,6	4,37

Qubit 3.0 (Life Technologies, USA) s použitím soupravy Qubit dsDNA HS Assay Kit (Thermo Scientific, USA).

Složení mikrobioty stanovené sekvenováním genu pro 16S rRNA a sekvenováním ITS oblastí

Pro sekvenování genu 16S rRNA byly vzorky DNA použity jako templát v PCR s eubakteriálními primery zaměřenými na variabilní oblast V3/V4 a dále zpracovány dle předchozího popisu (Karasova a kol., 2021). Sekvenování bylo provedeno pomocí sady MiSeq Reagent Kit v3 (600 cyklů) a sekvenační platformy MiSeq podle pokynů výrobce (Illumina, USA). Surová čtení byla zpracována dle Karasova et al. (Karasova a kol., 2021). Sekvenování oblasti ITS2a včetně zpracování surových dat bylo provedeno službou Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH (Německo) pomocí platformy Illumina MiSeq. Pro analýzu sekvenačních dat byla použita databáze Silva 138.2. Následné analýzy na úrovni OTU (operační taxonomické jednotky) byly provedeny s OTU, které představovaly více než 0,1 % celkové mikrobioty alespoň v jednom vzorku. Tyto filtrované OTU pokrývaly 99,42–100,00 % celkového počtu bakterií identifikovaných sekvenováním 16S rRNA a 99,95–100,00 % celkového počtu mikrobioty identifikované sekvenováním ITS2a. Rozdíly v počtu kopií genů pro 16S rRNA v různých taxonech byly zanedbány. Složení mikrobioty identifikované sekvenováním genu pro 16S rRNA v jednotlivých odběrech u sýrů A–C a identifikované sekvenováním oblasti ITS2a u jednotlivých odběrů sýrů A–D se významně nelišilo ($p > 0,05$; RM PERMANOVA), což umožnilo zprůměrovat data. Mikrobiota identifikovaná sekvenováním genu pro 16S rRNA u jednotlivých odběrů sýra D se lišila a byla hodnocena individuálně.

Složení mikrobioty stanovené kultivací

Deset gramů sýra bylo homogenizováno v 90 ml PBS a byly připraveny řady ředění. Z každého ředění bylo v duplikátu naneseno 100 µl na PCA agar (Plate Count Agar, Oxoid, UK) doplněný 5 % chloridem sodným. Inkubace probíhala aerobně při 30 °C a celkový počet mikroorganismů byl stanoven po 48 hod. Z příslušného ředění byly vybrány morfologicky odlišné kolonie, které byly identifikovány pomocí hmotnostního spektrometru AutoFlex Speed MALDI-TOF při použití software MALDI Biotyper 4.1 a databáze MBT Compass reference library (Bruker Daltonics, Německo). Vzorky byly zpracovány přímým nanesením mikrobiální kultury, případně extrakcí pomocí etanolu a kyseliny mravenčí. Vzorky, jejichž skóre shody s některým z referenčních

proteinových spekter bylo vyšší než 2,0, byly použity pro další analýzu.

DNA z reprezentativních bakteriálních izolátů byla amplifikována pomocí primerů amplifikujících celou délku sekvence genu pro 16S rRNA, která byla následně sekvenována (Eurofins Genomics Europe Sequencing GmbH, Německo). Výsledné sekvence byly porovnány se záznamy v GenBank pomocí BLAST pro taxonomickou klasifikaci. U izolátů byla provedena shluková analýza pomocí programu Clustal Omega. Konečný fylogenetický strom byl sestaven pomocí programu iTOL v7.

VÝSLEDKY A DISKUZE

Složení mikrobioty sýrů zrajících pod mazem stanovené pomocí sekvenování V3/V4 oblasti genu 16S rRNA

Ve všech vzorcích bylo identifikováno celkem 54 unikátních OTU, přičemž nejméně komplexní mikrobiotu vykazoval sýr od výrobce B (11 OTU) a nejvíce komplexní mikrobiotu sýr od výrobce A (29 OTU) (tab. 2). Pouze 3 OTU (*Brevibacterium* sp., *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* a *Psychrobacter* spp. byly společně pro mikrobiotu sýrů všech čtyř výrobců.

Tab. 2 Počet OTU získaných sekvenováním, celkové počty mikroorganismů a počet bakteriálních izolátů získaných kultivací ze sýrů zrajících pod mazem

Sýr	Počet OTU 16S rRNA	Počet OTU ITS2a	KTJ/g	Počet izolátů
A	29	2	1,5x10 ⁸	20
B	11	5	1,7x10 ⁹	7
C	20	2	3,3x10 ⁸	10
D	18	7	5,5x10 ⁸	4

Bakteriální startovací kultury v sýrech zrajících pod mazem

Sekvenační data zaznamenala v analyzovaných sýrech přítomnost jak mezofilních SC, které se častěji používají v sýrech zrajících pod mazem, tak i termofilních SC (obr. 1A). V sýru A byla jako SC zjištěna pouze mezofilní kultura *L. lactis*, která tvořila 9,9 % celkové mikrobioty. Mikrobiota sýra B obsahovala tuto kulturu v množství pod 0,1 %, zatímco termofilní SC tvořené *Streptococcus thermophilus* a *Lactobacillus delbrueckii* byly přítomny v 18,2 %, resp. 2,5 %. Termofilní SC byla navíc doplněna o bakterie *Staphylococcus xylosus*, které tvořily 15,6 %. V sýru C převažovala SC složená z *L. lactis* a *Lactocaseibacillus casei* s relativním zastoupením 17,4 %, resp. 20,6 %. Menší podíl měly bakterie *S. xylosus* a *Leuconostoc mesenteroides*, které byly zjištěny v množství 3,3 %, resp. 2,5 %. Jako převažující SC v sýru D byla identifikována bakterie *L. lactis*, jejíž abundance měla v jednotlivých odběrech klesající tendenci (70,4 % v prvním, 42,1 % v druhém a 2,9 % ve třetím odběru). Tento trend byl již dříve popsán a může souviset s postup-

ným využitím laktózy během fermentace (Dugat-Bony a kol., 2015; Korena a kol., 2023).

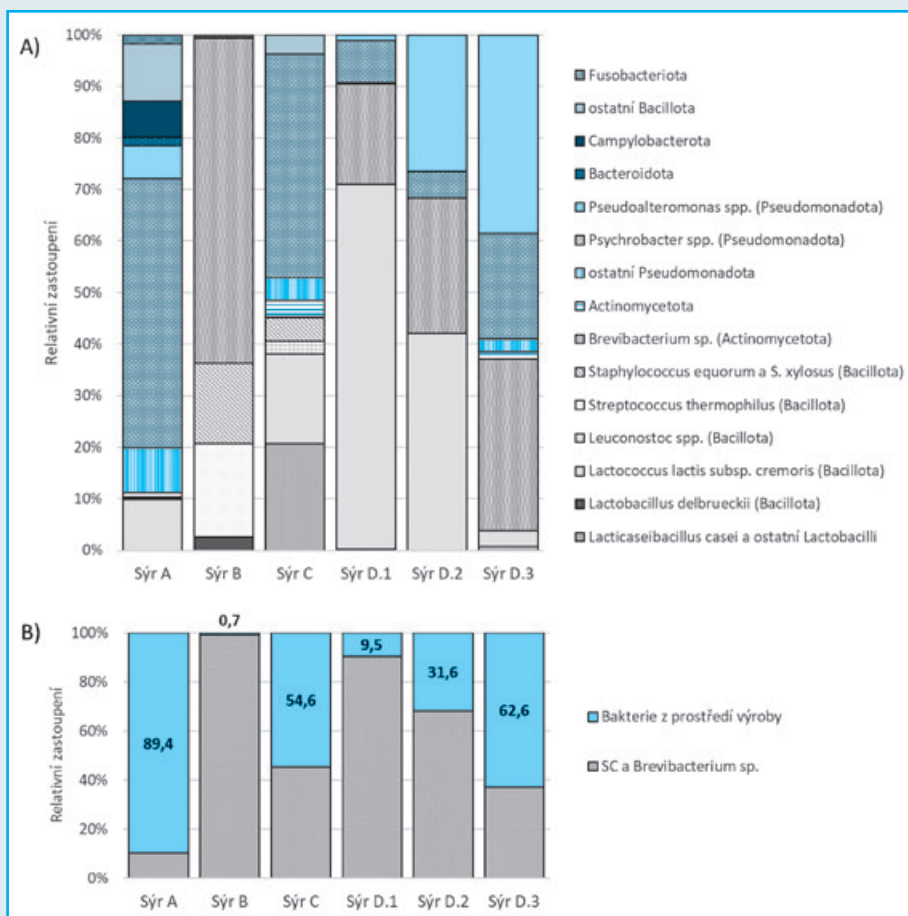
Definované kmeny *L. lactis* subsp. *cremoris* nebo *L. lactis* subsp. *lactis* jsou obvykle obsaženy v komerčně prodáváných SC určených pro základní mléčné výrobky, včetně tvarohů, čerstvých sýrů, polotvrdých sýrů nebo sýrů zrajících pod mazem (Fox a McSweeney, 2004). Termofilní startovací kultury, které obvykle obsahují bakterii *Streptococcus thermophilus*, se naopak přednostně používají při výrobě sýrů s vysokodohřívanou syřeninou a jsou vhodné pro tažené, pařené a tvrdé typy sýra. Při výrobě sýrů zrajících pod mazem mohou být využívány jak mezofilní, tak termofilní SC dávající vznik různým varietám mazových sýrů. Použití startovacích kultur souvisí také s mikrobiologickou bezpečností výrobku, kdy použité startovací kultury mohou účinně potlačovat růst a množení patogenních nebo technologicky nežádoucích mikroorganismů (Floriana a kol., 2022; Fox a McSweeney, 2017). Nepřímo se použití startovacích kultur může projevit na složení a celkové komplexnosti mikrobioty. Kromě cíleně použitých SC, se mohou ve finálních produktech vyskytovat i nezákysové bakterie mléčného kvašení, které mohou pocházet z mléčné suroviny nebo výrobního prostředí a mohou také ovlivňovat senzorické vlastnosti výrobku.

Relativní zastoupení mazové kultury *Brevibacterium aurantiacum* se v mikrobiotě sýrů od jednotlivých výrobců značně lišilo a pohybovalo se v rozmezí od 0,1 % do 63 %. Vyšší abundance *B. aurantiacum* byla zaznamenána u sýrů B a D, což může souviset např. s vyšším obsahem soli ve výrobku.

Bakterie výrobního prostředí v sýrech zrajících pod mazem

Bakterie, u nichž se předpokládá, že pocházejí z výrobního prostředí, tvořily různý podíl celkové mikrobioty, a to od 0,7 % do 89,4 % (obr. 1B). Tyto bakterie byly zastoupeny šesti kmeny: Actinomycetota (dříve Actinobacteria), Pseudomonadota (dříve Proteobacteria), Bacillota (dříve Firmicutes), Bacteroidota, Campylobacterota a Fusobacteriota (obr. 1A).

Mikrobiota sýra A vykazovala nejvyšší podíl mikroorganismů pocházejících z prostředí (89,4 %) ze všech analyzovaných sýrů. Tyto bakterie byly tvořeny převážně proteobakteriemi, z nichž tři rody, *Psychrobacter*, *Vibrio* a *Pseudoalteromonas*, tvořily 52,0 %, 8,3 % a 6,5 % celkové mikrobioty. Zástupci rodu *Vibrio* zahrnovaly pouze nepatogenní druhy. Kmen Bacillota byl zastoupen dvěma rody, *Vagococcus* a *Marinilactibacillus*, které tvořily 6,9 %, resp. 3,5 % celkové mikrobioty. Dalšími hojnými taxony byly *Malaciobacter marinus* (7 %, Campylobacterota), *Psychrilyobacter* (1,8 %, Fusobacteriota) a *Psychroflexus* (1,5 %, Bacteroidota). Sýr B nevykazoval téměř žádný podíl mikrobioty z výrobního prostředí a byl tvořený výhradně bakteriemi startovací kultury a mazovou bakterií *B. aurantiacum*. V sýru C byl podíl SC a mikrobioty z výrobního prostředí téměř vy-



Obr. 1 (A) Bakteriální složení ve vzorcích sýrů zrajících pod mazem stanovené pomocí sekvenování V3/V4 oblasti genu pro 16S rRNA. Startovací, doplňkové a další technologicky využívané bakteriální kultury – odstíny šedé; bakterie pocházející z výrobního prostředí – odstíny modré. (B) Suma relativního zastoupení bakterií startovacích a doplňkových kultur a bakterií výrobního prostředí.

rovnaný. Ve výrobku byly identifikovány proteobakterie, a to zejména *Psychrobacter* (43,2 %) a *Celerinatantimonas* (3,8 %). Z grampozitivních bakterií vykazovaly vyšší relativní četnost *Marinilactibacillus* (Bacillota) a mazová bakterie *Corynebacterium variabile* (Actinomycetota), které byly přítomny v abundanci 3,7 %, resp. 3,2 %. Mezi bakteriemi z výrobního prostředí v sýru D převažovaly rovněž proteobakterie, kde dominovaly 2 rody – *Pseudoalteromonas* (významný nárůst z 1,1 % v prvním, 26,5 % v druhém, na 38,4 % v třetím odběru) a *Psychrobacter* (11,2 %). Bylo popsáno, že bakterie rodu *Psychrobacter* produkují těkavé aromatické sloučeniny, jako jsou aldehydy, ketony a sirné sloučeniny, a tím mohou ovlivňovat aromatické vlastnosti sýra (Unno a kol., 2021). Stejně tak různé kmeny rodu *Pseudoalteromonas* produkují enzymy přizpůsobené chladu, které přispívají k vývoji chuti sýrů během zrání a skladování při nízkých teplotách. Obecně je však nezbytné při výrobě sýrů kontrolovat přítomnost a množství psychrotrofních bakterií, protože některé druhy těchto bakterií jsou zodpovědné za kažení sýrů.

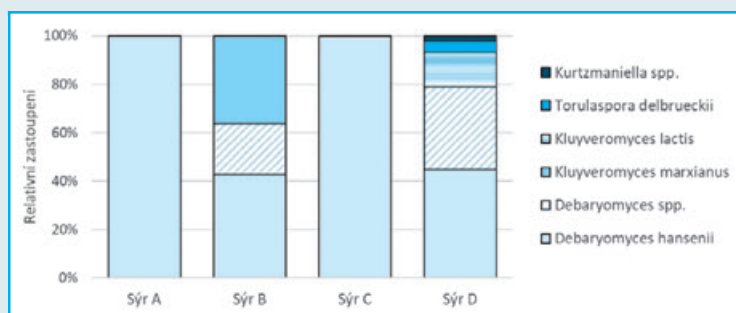
Složení mikrobioty stanovené sekvenováním ITS oblasti

Sekvenováním oblasti ITS2 bylo ve všech vzorcích identifikováno celkem 10 OTU s dominancí kvasinek rodu *Debaryomyces* a *Kluyveromyces* (obr. 2). Kvasinka *Debaryomyces hansenii* tvořila 99,6–100 % z celkové populace u sýra A a C. Sýr od výrobce B vykazoval podobné zastoupení obou OTU náležejících *D. hansenii* a *Kluyveromyces marxianus*. U sýru D byly navíc k *D. hansenii* a *Kluyveromyces lactis* detekovány také kvasinky *Torulaspora delbrueckii* a *Kurtzmanella* spp. (obr. 2). Kvasinky rodu *Debaryomyces* jsou spojovány s produkcí alkoholu a karboxylových kyselin (Bertuzzi a kol., 2018), zatímco termotolerantní kvasinka *K. marxianus* je spojována s produkcí ovocných esterových aromat (Bockelmann, 2010), čímž mohou ovlivňovat chuť sýra.

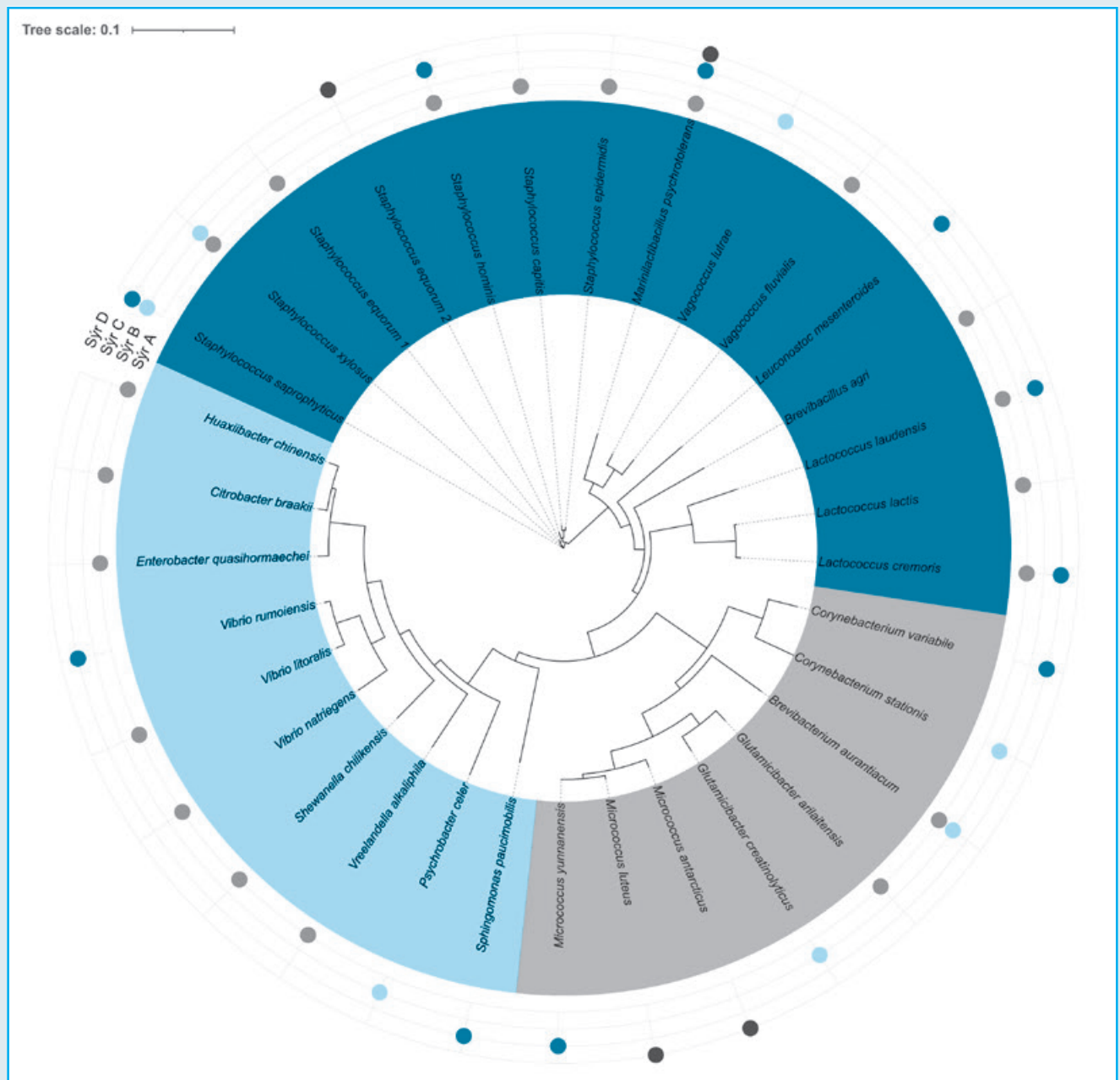
Složení mikrobioty stanovené kultivací

Celkové množství mikroorganismů ve vzorcích sýrů se pohybovalo od $1,5 \times 10^8$ do

$1,7 \times 10^9$ KTJ/g. Ze všech vzorků bylo získáno celkem 47 izolátů, které byly pomocí hmotnostní spektrometrie MALDI-TOF identifikovány na úrovni druhu jako odlišné. Některé izoláty však vykazovaly identické sekvenční 16S rDNA, čímž se konečný počet jedinečných izolátů snížil na 33 (obr. 3). Izoláty byly zařazeny do 3 kmenů – Bacillota (15 izolátů), Actinomycetota (8 izolátů) a Pseudomonadota (10 izolátů). Mezofilní startovací kultury *L. lactis* subsp. *lactis*, *L. lactis* subsp. *cremoris*, *L. laudensis* a *Leuconostoc* byly vykultivovány ze sýrů A a C, ale nikoli ze sýrů B, což potvrzuje výsledky získané



Obr. 2 Relativní zastoupení druhů kvasinek ve vzorcích sýrů zrajících pod mazem stanovené pomocí sekvenování oblasti ITS2



Obr. 3 Fylogenetický strom 33 izolátů získaných aerobní kultivací ze sýrů zrajících pod mazem. Bakteriální izoláty jsou seskupeny na základě kompletní sekvence genu pro 16S rRNA. Zobrazeny jsou izoláty z kmenů Bacillota (tmavě modrá), Actinomycetota (šedá) a Pseudomonadota (světle modrá). Po obvodu fylogenetického stromu je symbolem označena přítomnost daného izolátu v sýru A-D.

sekvenováním genu pro 16S rRNA. Mezi další zástupce kmene Bacillota patřil *Marinilactibacillus* a různé druhy rodů *Vagococcus* a *Staphylococcus*. Kromě technologicky využívaných druhů *S. xylosum* a *S. equorum*, byly izolovány také *S. epidermidis*, *S. capitis*, *S. hominis* a *S. saprophyticus*, jejichž přítomnost v potravinářských výrobcích může naznačovat sekundární kontaminaci pocházející od lidských nosičů (Florianova a kol., 2022; Irlinger, 2008). Úspěšně byly kultivovány také mazové bakterie *Brevibacterium*, *Glutamicibacter*, *Micrococcus* a *Corynebacterium*, všechny z kmene Actinomycetota. Proteobakterie byly zastoupeny různými nepatogenními druhy rodů *Vibrio* a bakterií *Psychrobacter*. Na rozdíl od výsledků amplikonového sekvenování genu

16S rRNA byly ze sýrů A kultivovány druhy *Shewanella*, *Enterobacter* a *Citrobacter*. Tyto bakterie jsou často izolovány z povrchů v potravinářském průmyslu, kde mohou snadno přežívat ve formě biofilmů, a jejich přítomnost by měla být monitorována (Ritschard a Schuppler, 2024). K monitoringu patogenních či technologicky nežádoucích bakterií lépe slouží kultivační metody, pokud jsou tyto bakterie v mikrobiálním konsorciu přítomny v nízkých počtech, jejich abundance nemusí být metodou sekvenování 16S rRNA detekována (Muhamad Rizal a kol., 2020). Ze sýrů výrobce C byl kultivován jediný zástupce třídy alphaproteobacteria, a to bakterie *Sphingomonas paucimobilis*, která rovněž nebyla detekována amplikonovým sekvenováním.

ZÁVĚR

Sýr lze považovat za komplexní multimikrobiální ekosystém, ve kterém mikroorganismy ze startovacích kultur, doplňkových kultur a výrobního prostředí vzájemně interagují a určují konečné vlastnosti produktu. Tato studie zjistila, že čeští výrobci sýrů zrajících pod mazem používají odlišné startovací kultury, které obsahovaly buď mezofilní, termofilní nebo kombinaci obou typů SC. Naopak použití *Debaryomyces hansenii* jako doplňkové kvasinkové kultury bylo převažující. Studie také ukázala, že podíl a složení environmentální mikrobioty se mezi výrobci značně lišilo. Aplikace sekvenování mikrobioty sýrů v mlékárenském průmyslu může přinést značné výhody z hlediska udržování konzistentní kvality produktů a zlepšení efektivity výroby. Kromě toho může výrobcům umožnit optimalizovat použití startovacích a doplňkových kultur, což podporuje efektivnější a přizpůsobené fermentační procesy. Schopnost vytvářet „mikrobiální profily“ pro různé druhy sýrů pak může nabídnout inovativní přístup k zajištění autenticity produktů a podpoře vývoje jedinečných sýrů.

PODĚKOVÁNÍ / ACKNOWLEDGEMENT

Výsledek vznikl za podpory Ministerstva zemědělství ČR, institucionální podpory MZe-RVO0523.

LITERATURA / REFERENCES

- BERTUZZI A.S., WALSH A.M., SHEEHAN J.J., COTTER P.D., CRISPIE F., McSWEENEY P.L.H., KILCAWLEY K.N., REA M.C. (2018): Omics-Based Insights into Flavor Development and Microbial Succession within Surface-Ripened Cheese. *MSystems*, 3, e00211-17.
- BRENNAN N.M., COGAN T.M., LOESSNER M., SCHERER S. (2004): Bacterial Surface-Ripened Cheeses. Ve: FOX P.F., McSWEENEY P.L.H., COGAN T.M., GUINEE T.P.: *Cheese: Chemistry, Physics and Microbiology*, 2 (s. 199–225), London, UK, Academic Press.
- BOCKELMANN W. (2002): Smear-ripened cheeses. Ve: ROGINSKI H., FUQUAY J.W., FOX P.F.: *Encyclopaedia of Dairy Sciences* (s. 391–401), London, UK, Academic Press.
- BOCKELMANN W., WILLEMS K.P., NEVE H., HELLER K.H. (2005): Cultures for the Ripening of Smear Cheeses. *Int. Dairy J.*, 15, s. 719–732.
- BOCKELMANN W. (2010): Secondary Cheese Starter Cultures. Ve: LAW B. A. a TAMIME A. Y.: *Technology of Cheesemaking* (s. 193–230), Hoboken, USA, Wiley-Blackwell.
- DUGAT-BONY E., STRAUB C., TEISSANDIER A., ONÉSIME D., LOUX V., MONNET C., IRLINGER F., LANDAUD S., LECLERCQ-PERLAT M.N., BENTO P., et al. (2015): Overview of a Surface-Ripened Cheese Community Functioning by Meta-Omics Analyses. *PLoS ONE*, 10, e0124360.
- FLORIANOVA M., KORENA K., JURICOVA H. (2022): Whole-Genome Analysis of Methicillin-Resistant and Methicillin-Sensitive *Staphylococcus Aureus* in Dry-Fermented Salami. *LWT Food Sci. Technol.*, 170, s. 114042.
- FOX P.F., McSWEENEY P.L.H. (2004): Cheese: An Overview. Ve: PATRICK F., FOX P.F., McSWEENEY P.L.H., COGAN T.M., GUINEE T.P.: *Cheese: Chemistry, Physics and Microbiology*, 1 (s. 1–18), Amsterdam, The Netherlands, Elsevier.
- FOX P.F., McSWEENEY P.L.H. (2017): Cheese: An Overview. *Cheese*, (s. 5–21).
- IRLINGER F. (2008): Safety assessment of dairy microorganisms: Coagulase-negative staphylococci. *Int. J. Food Microbiol.*, 126, s. 302–310.
- KORENA K., KRZYZANKOVA M., FLORIANOVA M., KARASOVA D., BABAK V., STRAKOVA N., JURICOVA H. (2023): Microbial Succession in the Cheese Ripening Process-Competition of the Starter Cultures and the Microbiota of the Cheese Plant Environment. *Microorganisms*, 11.
- KORENA K., KLIMESOVA A., FLORIANOVA M., KRZYZANKOVA M., KARASOVA D., BABAK V., JURICOVA H. (2025): Microbial Profiling of Smear-Ripened Cheeses: Identification of Starter Cultures and Environmental Microbiota. *Appl. Sci.*, 15, s. 3787.
- KARASOVA D., CRHANOVA M., BABAK V., JERABEK M., BRZOBHATY L., MATESOVA Z., RYCHLIK I. (2021): Development of Piglet Gut Microbiota at the Time of Weaning Influences Development of Postweaning Diarrhea – A Field Study. *Res. Vet. Sci.* 135, s. 59–65.
- MOUNIER J., GELSOMINO R., GOERGES S., VANCANNEYT M., VANDEMEULEBROECKE K., HOSTE B., SCHERER S., SWINGS J., FITZGERALD G.F., COGAN T.M. (2005): Surface Microflora of Four Smear-Ripened Cheeses. *Appl. Environ. Microbiol.* 71, s. 6489–6500.
- MUHAMAD RIZAL, N. S., NEOH, H. M., RAMLI, R., A/L K PERIYASAMY, P. R., HANAFIAH, A., ABDUL SAMAT, M. N., TAN, T. L., WONG, K. K., NATHAN, S., CHIENG, S., SAW, S. H., & KHOR, B. Y. (2020): Advantages and Limitations of 16S rRNA Next-Generation Sequencing for Pathogen Identification in the Diagnostic Microbiology Laboratory: Perspectives from a Middle-Income Country. *Diagnostics (Basel, Switzerland)*, 10, (10), s. 816.
- RITSCHARD J., SCHUPPLER M. (2024): The Microbial Diversity on the Surface of Smear-Ripened Cheeses and Its Impact on Cheese Quality and Safety. *Foods*, 13, s. 214.
- UNNO R., SUZUKI T., MATSUTANI M., ISHIKAWA M. (2021): Evaluation of the Relationships Between Microbiota and Metabolites in Soft-Type Ripened Cheese Using an Integrated Omics Approach. *Front. Microbiol.*, 12, s. 681185.

Korespondující autor: Mgr. Kristýna Kořená
Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v.v.i.
Hudcova 296/70, 621 00 Brno
e-mail: kristyna.korena@vri.cz

Přijato do tisku: 27. 11. 2025
Lektorováno: 5. 12. 2025