

**XLVIII MIĘDZYNARODOWE SYMPOZJUM
MIKROBIOLOGIA A OCHRONA ŚRODOWISKA**

WARSZAWA

07-10 września 2014 r.

**Pod patronatem
Marszałka województwa Mazowieckiego**

STRESZCZENIA PRAC



Urząd Marszałkowski Woj. Mazowieckiego

Ocena zróżnicowania genetycznego bakterii w masie fermentacyjnej bioodpadów na podstawie genu 16S rDNA metodą elektroforezy w gradiencie czynnika denaturującego

KAROLINA OSZUST, MAGDALENA FRĄC, AGATA GRYTA, NINA BILIŃSKA, ANNA SICZEK

Instytut Agrofizyki Polskiej Akademii Nauk, Zakład Badań Systemu Gleba-Roślina, ul Doświadczalna 4; 20-290 Lublin

Celem przeprowadzonych badań było określenie zróżnicowania genetycznego zbiorowisk bakterii zasiedlających masę fermentacyjną w różnych etapach procesu beztlenowej fermentacji. W skład mieszanki poddanej analizie wchodziły: odpady pochodzące z przetwórstwa owoców (25%), osad z oczyszczalni ścieków mleczarskich (25%), kiszonka kukurydziana (12%) oraz wywar zbożowy (38%). Badania polegały na przeprowadzeniu amplifikacji genu 16S rDNA oraz elektroforezy w gradiencie żelu denaturującego (DGGE). Do amplifikacji wykorzystano następujące startery: gc-968f (5'CGCCCCGGGCGCGCCCCGGGCGGGGCGGGGGCACGGGGGGGAACGCGAAGAACCTTAC3') oraz UNI1401r (5'GCGTGTGTACAAGACCC3'). Proces amplifikacji obejmował następujący cykl: 94°C – 90 s, 56°C – 30 s, 72°C – 45 s, (95°C – 20 s, 56°C – 30 s, 72°C – 45 s) x 27, 72°C – 7 minut. W kolejnym etapie przeprowadzono elektroforezę w gradiencie żelu denaturującego (DGGE) (w następujących warunkach: 16 godzin, 70 V, 60°C, w buforze TAE x 1). Uzyskane wyniki wykazały duże zróżnicowanie pomiędzy zbiorowiskami bakterii w zależności od etapu prowadzonego procesu.

Bacterial genetic diversity evaluation in anaerobic digested biomass, based on the 16S rDNA gene by denaturing gradient gel electrophoresis

The aim of this study was to determine the genetic diversity of bacterial communities inhabiting the fermentation biomass collected at different stages of the process anaerobic digestion. The composition of the analyzed biomass included: waste of fruit processing (25%), dairy sewage sludge (25%), corn silage (12%) and grain decoction (38%).

The analysis consisted of two steps: amplification of the 16S rDNA gene and a denaturing gel gradient electrophoresis (DGGE). For amplification the following primers were used: gc-968f (5'CGCCCCGGGCGCGCCCCGGGCGGGGCGGGGGCACGGGGGGGAACGCGAAGAACCTTAC3') and UNI1401r (5'GCGTGTGTACAAGACCC3'). The process of amplification consisted of the following cycle: 94°C – 90 s, 56°C – 30 s, 72°C – 45 s, (95°C – 20 s, 56°C – 30 s, 72°C – 45 s) x 27, 72°C – 7 min. In a next step the electrophoresis was performed in the denaturing gradient gel (DGGE) (conditions were as follows: 16 hours, 70 V, 60 ° C in TAE buffer 1 x). The results showed a great variation between communities of bacteria depending on the stage of the process.

Praca naukowa finansowana przez Narodowe Centrum Badań i Rozwoju w ramach Programu LIDER 2011-2014. Scientific work supported by National Centre of Research and Development – LIDER Programme 2011-2014.