ӘОЖ 577.21:579.67 DOI: 10.58318/2957-5702-2026-25-4-14
Түпнұсқа мақала

ЖАҢА БУЫН СЕКВЕНИРЛЕУ ТЕХНОЛОГИЯСЫ ЖӘНЕ ОНЫҢ СҮТ ӨНІМДЕРІНІҢ МИКРОБИОМЫН ЗЕРТТЕУДЕ ҚОЛДАНЫЛУЫ

С. Жадыра*, А.Е. Муратбекова, Г.Т. Касенова

І.Жансүгіров атындағы Жетісу университеті,
040000, Қазақстан Республикасы, Талдықорған қаласы
*akanais@yandex.kz

Аннотация. Соңғы жылдары микробиологиялық қауымдастықтарды зерттеуге бағытталған ғылыми зерттеулердің қарқынды дамуы жаңа молекулалық әдістердің пайда болуына алып келді. Солардың ішінде жаңа буын секвенирлеу (Next Generation Sequencing, NGS) технологиясы микроорганизмдердің генетикалық материалын жоғары дәлдікпен және қысқа уақыт ішінде зерттеуге мүмкіндік беретін тиімді құралдардың бірі. Бұл технология микробиомды зерттеуде кеңінен қолданылып, микроорганизмдердің таксономиялық құрамын анықтауға, олардың әртүрлілігін бағалауға және функционалдық мүмкіндіктерін талдауға жағдай жасады.

Сүт және сүт өнімдері микроорганизмдердің дамуына қолайлы орта, сондықтан олардың микробиологиялық құрамын зерттеу тағам қауіпсіздігін қамтамасыз ету және өнім сапасын бақылау үшін маңызды. NGS технологиясының көмегі сүт және одан жасалатын әртүрлі өнімдердегі микроорганизмдердің қауымдастық құрылымын анықтауға, олардың өзара әрекеттесуін талдауға және өнімнің сапасына әсер ететін микробиологиялық факторларды бағалауда мүмкіндігі зор технология.

Бұл мақалада жаңа буын секвенирлеу технологиясының даму тарихы, метагеномикалық талдау әдістері және микробиомды зерттеудің негізгі тәсілдері қарастырылады. Сонымен қатар сүт және сүт өнімдерінің микробиомын зерттеуде NGS технологиясын қолданудың негізгі бағыттары талданады. Әдеби деректерді талдау нәтижелері NGS технологиясының сүт өнімдерінің микробиологиялық құрамын зерттеуде және тағам қауіпсіздігін қамтамасыз етуде маңызды ғылыми құрал екенін көрсетеді.

Түйін сөздер: жаңа буын секвенирлеу, микробиом, метагеномика, сүт өнімдері, микробиологиялық қауымдастық.

Кіріспе

Сүт және сүт өнімдері адам рационында маңызды орын алатын тағамдардың бірі. Олар жоғары биологиялық құндылыққа ие ақуыздар, майлар, витаминдер және минералдық заттардың маңызды көзі болып саналады. Сонымен қатар сүт өнімдері микробтардың дамуына өте қолайлы орта. Сүттің табиғи микробиотасы және өндіріс барысында қалыптасатын микроорганизмдер қауымдастығы өнімнің сапасына, дәміне, құрылымына және сақтау мерзіміне айтарлықтай әсер етеді. Сондықтан сүт өнімдеріндегі микробиологиялық қауымдастықтарды зерттеу тағам қауіпсіздігін қамтамасыз ету және өнім сапасын бақылау жүйесінің маңызды бағыты [1].

Соңғы жылдары тағам ғылымында «микробиом» ұғымы кеңінен қолданылып келеді. Микробиом белгілі бір ортада тіршілік ететін микроорганизмдердің толық жиынтығын және олардың генетикалық ақпаратын білдіреді. Сүт және сүт өнімдерінің микробиомы бактериялар, ашытқылар және зең саңырауқұлақтары сияқты әртүрлі микроорганизмдерден тұрады. Бұл микроорганизмдер бір жағынан өнімнің технологиялық қасиеттерін қалыптастыруға қатысса, екінші жағынан кейбір жағдайларда тағам қауіпсіздігіне қауіп төндіруі мүмкін. Сондықтан сүт өнімдерінің микробиомын зерттеу тағам микробиологиясының маңызды ғылыми бағыттарының бірі деуге болады [1, 2].

Дәстүрлі микробиологиялық әдістер микроорганизмдерді өсіру арқылы анықтауға негізделген. Алайда көптеген микроорганизмдерді зертханалық жағдайда өсіру мүмкін емес, сондықтан бұл әдістер микробиологиялық қауымдастықтың толық құрылымын анықтауға мүмкіндік бермейді және көбінесе тек культивирленетін микроорганизмдерді ғана қамтиды. Осыған байланысты соңғы жылдары молекулалық биология және геномика саласындағы жетістіктердің

нәтижесінде жаңа буын секвенирлеу немесе келесі буын секвенирлеу (Next Generation Sequencing, NGS) технологиясы микроорганизмдерді зерттеудің тиімді әдістерінің біріне айналды [3].

NGS технологиясы бір мезгілде көптеген ДНҚ молекулаларын параллель түрде секвенирлеуге мүмкіндік береді. Бұл әдіс микроорганизмдердің генетикалық материалын жоғары дәлдікпен анықтауға, микробиологиялық қауымдастықтардың құрамын толық және жан-жақты зерттеуге, сондай-ақ сирек кездесетін немесе культивирленбейтін микроорганизмдерді анықтауға мүмкіндік береді. Сонымен қатар NGS негізіндегі метагеномдық талдау әдістері микроорганизмдердің тек таксономиялық құрамын ғана емес, олардың функционалдық ерекшеліктерін де талдауға жағдай жасайды, бұл сүт және сүт өнімдеріндегі микробиомды дәстүрлі әдістермен салыстырғанда анағұрлым терең деңгейде зерттеуге жол ашады [4].

Соңғы жылдары NGS технологиясы сүт өнімдерінің микробиологиялық құрамын зерттеуде кеңінен қолданылып келеді. Бұл әдіс шикі сүттің микробиомын анықтауға, пастерлеу және сақтау процестерінің микробиологиялық өзгерістерін бақылауға, сондай-ақ ашытылған сүт өнімдеріндегі микроорганизмдердің әртүрлілігін зерттеуге үлкен мүмкіндік ашты [5]. Сонымен қатар NGS технологиясы сүт өнімдерінің қауіпсіздігін қамтамасыз ету, патогенді микроорганизмдерді ерте кезеңде анықтау және өндірістік процестерді оңтайландыру үшін маңызды ғылыми құралға айналды [6].

Осыған байланысты бұл мақалада сүт және сүт өнімдерінің микробиомын зерттеуде жаңа буын секвенирлеу (NGS) технологиясының қолданылуы, оның негізгі мүмкіндіктері және тағам қауіпсіздігін қамтамасыз етудегі маңызы қарастырылады.

Негізгі бөлім. Бұл зерттеу шолу мақаласы форматында орындалды және бұрын жарияланған ғылыми әдебиеттерді талдау әдісіне негізделді. Зерттеу барысында тағам ғылымында оның ішінде сүт өнімдерін зерттеуде жаңа буын секвенирлеу (NGS) және метагеномика технологияларының қолданылуына қатысты ғылыми жарияланымдар қарастырылды.

Әдебиеттерді іздеу бірнеше халықаралық ғылыми дерекқорлар арқылы жүргізілді. Негізгі дереккөздер ретінде Scopus (sciencedirect), Web of Science, PubMed және Google Scholar базаларында жарияланған ғылыми мақалалар пайдаланылды. Сонымен қатар тағам микробиологиясы және геномика саласына арналған ғылыми журналдардағы зерттеулер қарастырылды. Әдебиеттерді іздеу кезінде келесі негізгі кілт сөздер қолданылды: next generation sequencing, metagenomics in food science, fermented milk microbiome, food safety genomics, microbial community analysis. Зерттеу барысында негізінен 2010–2026 жылдар аралығында жарияланған ғылыми мақалаларға басымдық берілді.

Сонымен қатар метагеномдық деректерді талдау әдістері, биоинформатикалық бағдарламалар және секвенирлеу платформалары туралы мәліметтер ғылыми әдебиеттер негізінде талданды.

Жаңа буын секвенирлеу технологиясының даму кезеңдері. ДНҚ секвенирлеу технологиялары соңғы бірнеше онжылдықта қарқынды дамыды. Бұл технологиялардың дамуы геномдық зерттеулердің жаңа кезеңін бастады.

Бірінші буын секвенирлеу технологиясы. 1953 жылы J. Watson, F. Crick, Rosalind Franklin және Maurice Wilkins ДНҚ молекуласының қос спиральды құрылымын дәлелдеп, ДНҚ-ның жартылай консервативті репликация принципін және нуклеотидтердің ақуыз синтезін кодтайтын генетикалық ақпараттың негізі екенін көрсетті [7, 8]. Ақуызды кодтайтын нуклеотидтік тізбектерді анықтау үшін ДНҚ құрамындағы төрт түрлі негіздің (A, T, G және C) орналасу ретін анықтау қажет. 1977 жылы Sanger және оның әріптестері дидезокси тізбекті тоқтату әдісін (Sanger sequencing) ұсынды, бұл әдіс бір тізбекті ДНҚ молекуласының нуклеотидтік ретін дәл анықтауға мүмкіндік берді [9]. Бұл әдістің негізгі принципі екі маңызды механизмге негізделген. Біріншіден, ДНҚ-полимераза ферменті бір тізбекті ДНҚ-ны матрица ретінде пайдаланып, оған комплементарлы жаңа тізбекті синтездейді. Екіншіден, реакция барысында 2’,3’-дидезоксинуклеозидтрифосфаттар (ddNTP) жаңа синтезделіп жатқан ДНҚ тізбегіне қосылған кезде, тізбектің әрі қарай ұзаруы тоқтайды.

ДНҚ секвенирлеу реакциясын жүргізу үшін реакциялық қоспаға матрицалық ДНҚ, арнайы праймерлер, ДНҚ-полимераза ферменті, төрт түрлі дезоксинуклеозидтрифосфат (dATP, dTTP, dGTP, dCTP) және бір түрдегі ddNTP қосылады. Көбінесе бұл реакцияда 5’→3’ экзонуклеаза белсенділігі жоқ, бірақ 5’→3’ полимераза белсенділігі сақталған Klenow фрагменті қолданылады. Полимеразалық реакция кезінде жаңа ДНҚ тізбегі синтезделіп, ал ddNTP молекуласы қосылған жағдайда тізбектің ұзаруы тоқтайды. Осылайша әртүрлі ұзындықтағы ДНҚ фрагменттері түзіліп, жеке-жеке анықталады. Нәтижесінде олардың көмегімен белгілі ұзындықтағы нуклеотидтік тізбек

анықталады.

Бірінші буын секвенирлеу технологиясының басты артықшылығы – жоғары дәлдігі және салыстырмалы түрде ұзын оқылым (read) беру мүмкіндігі. Бұл әдіс арқылы шамамен 1000 жұп негізге дейінгі тізбектерді анықтауға болады, ал нәтижелердің дәлдігі 99,999%-ға дейін жетеді. Алайда бұл технологияның негізгі кемшіліктері – төмен өнімділігі және жоғары құны. Қазіргі уақытта Sanger секвенирлеуі негізінен генетикалық тізбектерді тексеру, геномдық жинақтау нәтижелерін растау және жеке гендерді секвенирлеу кезінде «стандарт» ретінде қолданылып жүр.

Жаңа буын секвенирлеу технологиясы. Жаңа буын секвенирлеу технологиясы әртүрлі әдебиеттерде «екінші буын» немесе «келесі буын» секвенирлеу технологиясы деп те аталып жүр. Бұдан бөлек баламалы түрде жоғары өнімді секвенирлеу (high-throughput sequencing), терең секвенирлеу (deep sequencing) немесе жаппай параллель секвенирлеу (massively parallel sequencing) деген тіркестерде осы технологияны сыйпаттай алады. Бұл технология бірінші буын секвенирлеу әдісіне қарағанда жоғары өнімділігімен және параллель жұмыс істеу мүмкіндігімен ерекшеленеді.

NGS технологиясы шамамен 2005 жылдан бастап қарқынды дамып, геномдық зерттеулерде кеңінен қолданыла бастады. Бұл әдістің басты ерекшелігі – көптеген секвенирлеу реакцияларын бір мезгілде жүргізу мүмкіндігі. Яғни мыңдаған немесе миллиондаған ДНҚ фрагменттері бір уақытта секвенирленеді, нәтижесінде қысқа уақыт ішінде үлкен көлемдегі генетикалық ақпарат пайда болады. Сонымен қатар реакциялық жүйенің көлемі өте аз болғандықтан, зерттеу құны да айтарлықтай төмендейді.

Жаңа буын секвенирлеу технологиясы жоғары өнімді секвенирлеу технологиялары қатарына жатқанымен, барлық жоғары өнімді секвенирлеу технологиялары жаңа буын секвенирлеу технологиясына жатпайды. Әртүрлі жаңа буын секвенирлеу платформаларының қатарына 454 пиросеквенирлеу, Illumina секвенирлеуі, ABI SOLiD технологиясы, иондық жартылай өткізгіштік секвенирлеу (Ion Torrent), ДНҚ наношар секвенирлеуі және басқа да әдістерді жатызуға болады [10].

Қазіргі уақытта Illumina платформасы ең кең таралған екінші буын секвенирлеу технологияларының бірі. Бұл технология жоғары дәлдігімен, үлкен өнімділігімен және салыстырмалы түрде төмен шығындарымен ерекшеленеді. Сонымен қатар Illumina жүйелері геномдық зерттеулерде ғана емес, функционалдық геномика саласында да кеңінен қолданылады.

Illumina платформасы sequencing by synthesis (SBS) деп аталатын «синтез барысында секвенирлеу» әдісіне негізделген. Бұл әдісте ДНҚ фрагменттері арнайы шыны бетке (Flow cell) бекітіледі. Кейін олар көпірлік амплификация арқылы көбейіп, әрқайсысы мыңдаған б ірдей молекулалардан тұратын кластерлер түзеді. Әрбір цикл кезінде флюоресцентті белгіленген төрт түрлі нуклеотид ДНҚ тізбегіне біртіндеп қосылып, арнайы оптикалық жүйелер арқылы олардың сигналдары тіркеледі. Осылайша нуклеотидтердің орналасу реті анықталады.

Метагеномикалық талдау және микробиомды зерттеу әдістері. Соңғы жылдары ғылыми зерттеулер белгілі бір ортада тіршілік ететін және сол ортаның биологиялық процестеріне әсер ететін микроорганизмдер қауымдастықтарына ерекше назар аударуда [11]. Мұндай қауымдастықтар әдетте «микробиота» (microbiota) деп аталады және белгілі бір ортада, мысалы, организмнің белгілі бір бөлігінде, табиғи ортада немесе экожүйеде тіршілік ететін микроорганизмдердің жиынтығын білдіреді [12]. Кейбір зерттеушілер бұл ұғымды кеңейтіп, «микробиом» (microbiome) терминін қолданады. Микробиом – белгілі бір ортада немесе организмде тіршілік ететін микроорганизмдердің барлық геномдарының және олардың генетикалық өнімдерінің жиынтығын білдіреді [13]. Дегенмен, ғылыми әдебиеттерде «микробиота» және «микробиом» терминдері кей жағдайда бір-бірінің орнына қолданылып келеді.

Микробиомды зерттеу бағыттарының дамуы нәтижесінде метагеномика деп аталатын жаңа ғылыми сала қалыптасты. Метагеномика – қоршаған ортадан немесе тірі организмдерден тікелей алынған барлық генетикалық материалды зерттейтін ғылым саласы [14]. Метагеномдық зерттеулер микроорганизмдерді зертханалық жағдайда өсіру қажеттілігінсіз олардың қауымдастық құрылымын және функционалдық мүмкіндіктерін анықтауға мүмкіндік береді [15].

Метагеномика және микробиомды зерттеу саласы соңғы жылдары ірі халықаралық ғылыми жобалардың арқасында қарқынды дамып келеді. Олардың қатарына Human Microbiome Project (HMP), European MetaHIT және Integrative Human Microbiome Project сияқты ірі ғылыми консорциумдар жатады [13, 16]. Бұл зерттеулер метагеномикалық талдау әдісінің әртүрлі ортадағы микроорганизмдер қауымдастықтарының құрылымы мен функцияларын терең зерттеуде

практикалық тұрғыдан кең мүмкіндіктер берді.

Метагеномдық зерттеулер бірнеше негізгі кезеңдерден тұрады, олар үлгіні дайындаудан бастап ДНҚ секвенирлеу және биоинформатикалық талдауға дейінгі процестерді қамтиды (сурет 1). Осы кезеңдердің негізгі бөлігі секвенирлеу әдістерін қолдану арқылы жүзеге асырылады. Қазіргі уақытта метагеномдық зерттеулерде кеңінен қолданылатын негізгі тәсілдерге маркерлік гендерге негізделген секвенирлеу және shotgun метагеномика жатады.



Сурет 1 – Метагенодық секвенирлеудің кезеңдері

Маркерлік гендер арқылы талдау (Amplicon sequencing). Микробиомды зерттеуде ең кең қолданылатын әдістердің бірі – маркерлік гендерге негізделген мақсатты (яғни таргеттік) секвенирлеу. Бұл әдісте микроорганизмдерді анықтау үшін белгілі бір гендер секвенирленеді. Бактерияларды зерттеуде көбінесе 16S рибосомалық РНҚ гені (16S rRNA), ал саңырауқұлақтарды анықтауда ішкі транскрибирленген спейсер аймағы (ITS) қолданылады. Бұл гендер эволюциялық тұрғыдан салыстырмалы түрде тұрақты болғанымен, олардың құрамындағы гиперайнымалы аймақтар микроорганизмдерді таксономиялық деңгейде ажыратуға мүмкіндік береді [17].

Маркерлік гендер арқылы микробиомды талдауда операциялық таксономиялық бірліктер (ОТБ/OTU) әдісі қолданылады. Бұл тәсілде алынған тізбектер ұқсастық деңгейіне (көбінесе 97–99%) қарай топтастырылып, әрбір OTU микробтық қауымдастықтың жеке таксономиялық бірлігі ретінде қарастырылады [18, 19]. Алынған тізбектерді таксономиялық анықтау үшін RDP classifier, Greengenes және SILVA сияқты деректер базалары пайдаланылады, ал деректерді өңдеу үшін Mothur, QIIME және DADA2 бағдарламалары кеңінен қолданылады [20].

Қазіргі уақытта 16S rRNA және ITS секвенирлеуі көбінесе Illumina MiSeq платформасында жүргізіледі. Бұл әдіс V1–V3 немесе V4 сияқты гиперайнымалы аймақтарды секвенирлеу арқылы микробиологиялық қауымдастықтың құрамын анықтауға мүмкіндік береді [21]. Соңғы жылдары PacBio және Oxford Nanopore сияқты үшінші буын технологиялар арқылы толық ұзындықтағы гендерді секвенирлеу бағытында зерттеулер жүргізіліп жатқанымен, бұл әдістердің кең қолданылуы деректер базаларының шектеулі болуына байланысты әлі де шектеліп отыр.

Shotgun метагеномика. Маркерлік гендерге негізделген секвенирлеу әдістері микробиомның құрамын зерттеуде маңызды ақпарат береді, алайда олар микроорганизм геномдарының тек шағын бөлігін ғана қамтиды. Ал shotgun метагеномика әдісі таргеттелмеген секвенирлеуге негізделіп, үлгідегі барлық микроорганизмдердің генетикалық материалын толық қамтуға мүмкіндік береді [22]. Бұл тәсіл бактериялар, саңырауқұлақтар, ДНҚ вирустары және басқа да микроорганизмдердің геномдарын бір мезгілде зерттеуге жағдай жасайды, бірақ алынған деректерді талдау көбінесе референстік геномдар мен қолжетімді ғылыми деректер базаларына тәуелді болады [23]. Сонымен қатар бұл әдіс микробиологиялық қауымдастықтағы таксономиялық құрамды анықтауға және олардың салыстырмалы үлесін бағалауға мүмкіндік береді, сондай-ақ гендерді анықтап, қауымдастықтың функционалдық мүмкіндіктерін зерттеуге жағдай жасайды [24].

Shotgun метагеномдық деректерді өңдеу барысында геномдарды жинақтаудың (assembly) әртүрлі тәсілдері қолданылады. Бұл процестер de novo жинақтау, референстік геномдарға негізделген жинақтау немесе осы екі тәсілді біріктіретін гибридтік әдістер арқылы жүзеге

асырылуы мүмкін. De novo жинақтау кезінде секвенирленген қысқа оқылымдар арнайы алгоритмдер арқылы біріктіріліп, ұзын геномдық фрагменттер (contig) құрастырылады. Мұндай жинақтауда көбінесе de Bruijn graph әдісі қолданылады [25]. Осы мақсатта MetaVelvet, IDBA-UD, metaSPAdes және MEGAHIT сияқты бағдарламалық құралдар кеңінен пайдаланылады . Ал референстік геномдарға негізделген әдістерде (мысалы, MetaCompass) алынған тізбектер арнайы деректер базаларындағы белгілі геномдармен салыстырылып, геномдық фрагменттер қайта құрастырылады [26]. Дегенмен бұл тәсіл референстік геномдардың сапасы мен қолжетімділігіне тәуелді.

Көп жағдайда зерттеушілер толық геномдық жинақтау жүргізбей-ақ, оқылымдарға негізделген талдау әдістерін қолданады. Мұндай тәсілде shotgun метагеномикадан алынған тізбектер белгілі гендер немесе маркерлік тізбектер арқылы референстік деректер базаларымен салыстырылып, таксономиялық сәйкестендіру жүргізіледі. Бұл процесті таксономиялық биннинг деп атайды. Мұнда ДНҚ құрамының ерекшеліктері, k-mer ұзындығы, GC мөлшері немесе гендік ұқсастық сияқты параметрлер пайдаланылады [27]. Мысалы, Kraken бағдарламасы таксономиялық сәйкестендіру үшін бірегей k-mer үлгілерін қолданады [28], ал MetaPhlAn2 белгілі бір таксондарға тән маркерлік гендер арқылы микроорганизмдердің құрамын және олардың салыстырмалы үлесін анықтайды.

1 – кестеде микробиомды зерттеуде қолданылатын негізгі NGS-негізіндегі әдістердің сипаттамасы келтірілген. Көрсетілгендей, 16S rRNA және ITS секвенирлеу әдістері микроорганизмдердің таксономиялық құрамын анықтауға бағытталған болса, shotgun метагеномика микробиологиялық қауымдастықтың генетикалық және функционалдық мүмкіндіктерін жан-жақты зерттеуге мүмкіндік береді.

Кесте 1 – Микробиомды зерттеуде қолданылатын NGS негізіндегі негізгі әдістердің салыстырмалы сипаттамасы

Әдіс	**Негізгі нысан**	**Артықшылықтары**	**Кемшіліктері**	**Қолданылатын платформалар**
16S rRNA генін секвенирлеу	Бактериялар	Микробиом құрамын анықтауға мүмкіндік береді, құны төмен	Түр деңгейінде әрқашан дәл анықтай алмайды	Illumina MiSeq, Illumina HiSeq, Ion Torrent
ITS аймағын секвенирлеу	Саңырауқұлақтар	Саңырауқұлақтарды анықтауда жоғары дәлдік	Функционалдық гендер туралы ақпарат бермейді	Illumina MiSeq, Illumina HiSeq, Ion Torrent
Shotgun метагеномика	Барлық микроорганизмдер (бактерия, саңырауқұлақ, вирус)	Геномдық ақпаратты толық зерттеуге мүмкіндік береді	Құны жоғары, күрделі биоинформатикалық талдау қажет	Illumina HiSeq, Illumina NextSeq, Illumina NovaSeq

Әр түрлі сүт және сүт өнімдерінің микробиологиясын зерттеуде NGS технологиясының қолданылуы. Сүт өнімдерін зерттеуде NGS технологиясының қолданылуы бірнеше негізгі бағыттарды қамтиды. Ең алдымен бұл технология шикі сүттің микробиологиялық құрамын зерттеуде кеңінен қолданылады. Шикі сүт – барлық сүт өнімдерін өндірудің негізгі шикізаты болғандықтан, оның микробиологиялық сапасы дайын өнімнің сапасына тікелей әсер етеді. NGS технологиясының көмегімен шикі сүтте кездесетін микроорганизмдердің алуан түрлілігі мен олардың таралу ерекшеліктерін анықтауға болады. Мысалы, жүргізілген зерттеулерде шикі сүттің микробиологиялық қауымдастығында Proteobacteria, Firmicutes және Actinobacteria сияқты негізгі бактериялық топтардың басым екендігі анықталған [29, 30]. Сонымен қатар NGS әдісі арқылы сүт өндірісіндегі жабдықтар мен сақтау резервуарларынан патогенді микроорганизмдердің анықталуы шикі сүттің ластану көздерін анықтауға мүмкіндік береді [31].

NGS технологиясы пастерленген сүттің микробиологиялық құрамын зерттеуде де маңызды рөл атқарады. Пастерлеу процесі көптеген микроорганизмдерді жойғанымен, кейбір термотөзімді немесе зақымданған микроорганизмдер өнімде сақталып қалуы мүмкін [2]. Дәстүрлі әдістер арқылы мұндай микроорганизмдерді анықтау қиын болғандықтан, NGS технологиясы олардың

толық құрамын анықтауға мүмкіндік береді. Зерттеулер көрсеткендей, пастерленген сүттің микробиологиялық қауымдастығы бұрын болжанғаннан әлдеқайда күрделі болуы мүмкін. Мысалы, пастерленген сүтте Bacteroides, Streptococcus және Faecalibacterium сияқты бактериялардың болуы анықталған [29, 32]. Бұл микроорганизмдер өнімнің сақтау мерзіміне және сапасына әсер етуі мүмкін.

Сүт өнімдерін зерттеуде NGS технологиясы UHT сүтіндегі микроорганизмдерді анықтауда да қолданылады. Теориялық тұрғыдан алғанда ультра жоғары температурада өңделген сүт толық стерильді болуы тиіс. Алайда кейбір жағдайларда өнімнің бұзылуы байқалады. NGS технологиясы арқылы UHT сүтіндегі микробиологиялық қауымдастықты зерттеу нәтижесінде Pseudomonas, Streptococcus, and Acinetobacter сияқты бактериялық топтардың анықталғаны көрсетілген [33]. Сонымен қатар жоғары өнімді секвенирлеу әдістері UHT өңдеуден кейін де жылуға төзімді микроорганизмдер немесе олардың ферменттері өнім сапасына әсер етуі мүмкін екенін анықтаған [34]. Бұл зерттеулер UHT сүтінің бұзылу себептерін түсіндіруге және өндірістік процестерді жетілдіруге мүмкіндік береді.

NGS технологиясы ашытылған сүт өнімдерін, әсіресе айран және кефир сияқты өнімдерді зерттеуде ерекше маңызға ие. Ашытылған сүт өнімдерінің сапасы көбінесе олардың микробиологиялық құрамына байланысты болады. Мысалы, кефир өндірісінде қолданылатын кефир түйіршіктері бактериялар мен ашытқылардан тұратын күрделі микробиологиялық қауымдастықты қамтиды. NGS технологиясы арқылы жүргізілген зерттеулерде кефир құрамындағы негізгі микроорганизмдер Lactobacillus, Lactococcus және Acetobacter сияқты бактериялар мен Kazachstania туысына жататын ашытқылардың әртүрлі түрлері (Saccharomycetaceae тұқымдасы) екендігі анықталған [35, 36]. Бұл микроорганизмдер өнімнің дәмі мен құрылымының қалыптасуына маңызды әсер етеді.

Сонымен қатар NGS технологиясы ірімшік өндірісіндегі микробиологиялық қауымдастықтарды зерттеуде кеңінен қолданылады. Ірімшіктің жетілу процесі барысында микроорганизмдердің алуан түрлілігі өнімнің текстурасы мен дәмінің қалыптасуына әсер етеді. Жоғары өнімді секвенирлеу әдістері арқылы ірімшіктің жетілу кезеңдеріндегі микробиологиялық өзгерістерді зерттеу мүмкіндігі бар. Зерттеулер нәтижесінде ірімшіктің микробиологиялық қауымдастығында Lactobacillus және Streptococcus сияқты сүтқышқылды бактериялардың басым екендігі анықталған [37, 38]. Бұл бактериялар сүт қышқылын түзіп, өнімнің дәмі мен қауіпсіздігін қамтамасыз етеді.

Қорытынды. Жаңа буын секвенирлеу және метагеномика технологиялары тағам ғылымында микробиологиялық зерттеулердің маңызды құралдары. Бұл технологиялар тағам өнімдеріндегі микроорганизмдердің генетикалық құрамын терең зерттеуге, патогендерді жылдам анықтауға және тағам қауіпсіздігін қамтамасыз етуге көмектеседі. Метагеномика әдістері микроорганизмдерді өсірмей-ақ микробиологиялық қауымдастық құрылымын анықтауға, функциялық қасиеттерін бағалауға мүмкіндік береді. Сонымен қатар бұл әдістер тағам өндірісіндегі сапа бақылау жүйелерін жетілдіруге және жаңа технологияларды дамытуға мүмкіндік береді. NGS және метагеномика технологияларының дамуы тағам ғылымында жаңа зерттеу бағыттарының пайда болуына ықпал етуде. Болашақта бұл технологиялар тағам өндірісіндегі сапа бақылау жүйелерін жетілдіруге, сонымен қатар жаңа ферменттер мен биологиялық белсенді заттарды анықтауға ықпал етеді деп санаймыз.

Қаржыландыру. Осы зерттеу Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігінің Ғылым комитеті тарапынан қаржыландырылды (AP25793809).

Мүдделер қақтығысы: Авторлар жұмыстың кәсіби қызмет аясында жүргізілгенін мәлімдейді және ұсынылған нәтижелердің объективтілігіне әсер етуі мүмкін жағдайлар жоқ.

Әдебиеттер

1. Ferrocino I., Rantsiou K., Cocolin L. Investigating dairy microbiome: an opportunity to ensure quality, safety and typicity // Current Opinion in Biotechnology. – 2022. – Vol. 73. – P. 164–170. https://doi.org/10.1016/j.copbio.2021.08.009

2. Ding R., Liu Y., Yang S., Liu Y., Shi H., Yue X., Wu J. High-throughput sequencing provides new insights into the roles and implications of core microbiota present in pasteurized milk // Food Research International. – 2020. – Vol. 137. – P. 109586. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109586

3. Goodwin S., McPherson J., McCombie W. Coming of age: ten years of next-generation se-

quencing technologies // Nature Reviews Genetics. – 2016. – Vol. 17. – P. 333–351. https://doi.org/10.1038/nrg.2016.49

4. Handelsman J. Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms // Microbiology and Molecular Biology Reviews. – 2004. – Vol. 68(4). – P. 669–685. https://doi.org/10.1128/MMBR.68.4.669-685.2004

5. Park W., Yoo J., Oh S., Ham J.S., Jeong S.G., Kim Y. Microbiological characteristics of Gouda cheese manufactured with pasteurized and raw milk during ripening using next generation sequencing // Food science of animal resources. – 2019. – Vol. 39(4). – P. 585. https://doi.org/10.5851/kosfa.2019.e49

6. Jagadeesan B., Gerner-Smidt P., Allard M. The use of next generation sequencing for improving food safety // Frontiers in Microbiology. – 2019. – Vol. 79. – P. 96–115. https://doi.org/10.1016/j.fm.2018.11.005

7. Watson J, Crick F. Molecular structure of nucleic acids // Nature. – 1953. – Vol. 171. – P. 709-756. https://doi.org/10.1038/171737a0

8. Zallen D T. Despite Franklin's work, Wilkins earned his Nobel // Nature. – 2003. – Vol. 425. – P. 15. https://doi.org/10.1038/425015b

9. Sanger F., Nicklen S., Coulson A.R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors // Proceedings of the National Academy of Sciences. – 1977. – Vol. 74. – P. 5463-5467. https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463

10. Pervez M.T., Hasnain M.J., Abbas S.H. A comprehensive review of performance of next-generation sequencing platforms // BioMed Research International. – 2022. – P. 3457806. https://doi.org/10.1155/2022/3457806

11. Song E.J., Lee E.S., Nam Y.D. Progress of analytical tools and techniques for human gut microbiome research // J Microbiol. – 2018. – Vol. 56. – P. 693–705. https://doi.org/10.1007/s12275-018-8238-5

12. Thursby E., Juge N. Introduction to the human gut microbiota // Biochem J. – 2017. – Vol. 474. – P. 1823–1836. https://doi.org/10.1042/BCJ20160510

13. Turnbaugh P.J., Ley R.E., Hamady M., Fraser-Liggett C.M., Knight R., Gordon J.I. The human microbiome project // Nature. – 2007. – Vol. 449. – P. 804–810. https://doi.org/10.1038/nature06244

14. Tringe S.G., Rubin E.M. Metagenomics: DNA sequencing of environmental samples // Nat Rev Genet. – 2005. – Vol. 6. – P. 805–814. https://doi.org/10.1038/nrg1709

15. Riesenfeld C.S., Schloss P.D., Handelsman J. Metagenomics: genomic analysis of microbial communities // Annu Rev Genet. – 2004. – Vol. 38. – P. 525–552. https://doi.org/10.1146/annurev.genet.38.072902.091216

16. Qin J., Li R., Raes J. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing // Nature. – 2010. – Vol. 464. – P. 59–65. https://doi.org/10.1038/nature08821

17. Vetrovsky T., Baldrian P. The variability of the 16S rRNA gene in bacterial genomes and its consequences for bacterial community analyses // PLoS ONE. – 2013. – Vol. 8. – P. e57923. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057923

18. Stackebrandt E., Goebel B.M. Taxonomic note: a place for DNADNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology // Int J Syst Evol Microbiol. – 1994. – Vol. 44. – P. 846–849. https://doi.org/10.1099/00207713-44-4-846

19. Yarza P., Yilmaz P., Pruesse E. Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences // Nat Rev Microbiol. – 2014. – Vol. 12. – P. 635–645. https://doi.org/10.1038/nrmicro3330

20. McDonald D., Price M.N., Goodrich J. An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea // ISME J. – 2012. – Vol. 6. – P. 610–618. https://doi.org/10.1038/ismej.2011.139

21. Walker J.N., Hanson B.M., Pinkner C.L. Insights into the microbiome of breast implants and periprosthetic tissue in breast implant-associated anaplastic large cell lymphoma // Sci Rep. – 2019. – Vol. 9. – P. 10393. https://doi.org/10.1038/s41598-019-46535-8

22. Sharpton T.J. An introduction to the analysis of shotgun metagenomic data // Front Plant Sci. – 2014. – Vol. 5. – P. 209. https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00209

23. Nash A.K., Auchtung T.A., Wong M.C. The gut mycobiome of the human microbiome project healthy cohort // Microbiome. – 2017. – Vol. 5. – P. 153. https://doi.org/10.1186/s40168-017-0373-4

24. Xia L.C., Cram J.A., Chen T., Fuhrman J.A., Sun F. Accurate genome relative abundance es-

timation based on shotgun metagenomic reads // PLoS ONE. – 2011. – Vol. 6. – P. e27992. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0027992

25. Compeau P.E., Pevzner P.A., Tesler G. How to apply de Bruijn graphs to genome assembly // Nat Biotechnol. – 2011. – Vol. 29. – P. 987–991. https://doi.org/10.1038/nbt.2023

26. Ayling M., Clark M.D., Leggett R.M. New approaches for metagenome assembly with short reads // Brief Bioinform. – 2019. – Vol. 21(2). – P. 584–594. https://doi.org/10.1093/bib/bbz020

27. Claesson M.J., Clooney A.G., O'Toole PW. A clinician's guide to microbiome analysis // Nat Rev Gastroenterol Hepatol. – 2017. – Vol. 14. – P. 585–595. https://doi.org/10.1038/nrgastro.2017.97

28. Wood D.E., Salzberg S.L. Kraken: ultrafast metagenomic sequence classification using exact alignments // Genome Biol. – 2014. – Vol. 15 (r46). https://doi.org/10.1186/gb-2014-15-3-r46

29. Quigley L., McCarthy R., O'Sullivan O., Beresford T.P., Fitzgerald G.F., Ross R.P., Cotter P.D. The microbial content of raw and pasteurized cow milk as determined by molecular approaches // Journal of Dairy Science. – 2013. – Vol. 6(8). – P. 4928–4937. https://doi.org/10.3168/jds.2013-6688

30. Zhang M., Dang N., Ren D., Zhao F., Lv R., Ma T., Liu W. Comparison of bacterial microbiota in raw mare's milk and koumiss using PacBio single molecule real-time sequencing technology // Frontiers in Microbiology. – 2020. – Vol. 11. – P. 581610. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.581610

31. Cao H., Yan Y., Wang L., Dong L., Pang X., Tang S., Li A., Xiang A., Zhang L., Zheng, B. High-Throughput Sequencing Reveals Bacterial Diversity in Raw Milk Production Environment and Production Chain in Tangshan City of China // Food science of animal resources. – 2021. – Vol. 41(3). – P. 452–467. https://doi.org/10.5851/kosfa.2021.e10

32. Quigley L., O'Sullivan O., Stanton C. et al. The complex microbiota of raw milk // FEMS Microbiology Reviews. – 2013. – Vol. 37. – P. 664–698. https://doi.org/10.1111/1574-6976.12030

33. Ding R., He K., Wu R., Lou M., Liu Z., Piao Y., Wu J. Research on the quality deterioration of ultrahigh temperature milk products during shelf life: Core microorganisms and related characteristics // Food Science and Human Wellness. – 2024. – Vol. 13(5). – P. 2866-2875. https://doi.org/10.26599/FSHW.2022.9250232

34. Breitenwieser F., Doll E.V., Clavel T., Scherer S., Wenning M. Complementary use of cultivation and high-throughput amplicon sequencing reveals high biodiversity within raw milk microbiota // Frontiers in Microbiology. – 2020. – Vol. 11. – P. 1557. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01557

35. Ding F., Krasilnikova A.A., Leontieva M.R., Stoyanova L.G., Netrusov A.I. Analysis of kefir grains from different regions of the planet using high-throughput sequencing // Moscow University Biological Sciences Bulletin. – 2022. – Vol. 77(4). – P. 286-291. https://doi.org/10.3103/S0096392522040010

36. Walsh A.M., Crispie F., Kilcawley K., O'Sullivan O., O'Sullivan M.G., Claesson M.J., Cotter P.D. Microbial succession and flavor production in the fermented dairy beverage kefir // American society for microbiology . – 2016. – Vol. 1(5). https://doi.org/10.1128/msystems.00052-16

37. Ercolini D., De Filippis F., La Storia A., Iacono M. Remake by high-throughput sequencing of the microbiota involved in the production of water buffalo Mozzarella cheese // Applied and Environmental Microbiology. – 2012. – Vol. 78(22). – P. 8142–8145. https://doi.org/10.1128/AEM.02218-12

38. Rocha R., Vaz Velho M., Santos J., Fernandes P. Serra da estrela pdo cheese microbiome as revealed by next generation sequencing // Microorganisms. – 2021. – Vol. 9(10). – P. 2007. https://doi.org/10.3390/microorganisms9102007

References

1. Ferrocino I., Rantsiou K., Cocolin L. Investigating dairy microbiome: an opportunity to ensure quality, safety and typicity // Current Opinion in Biotechnology. – 2022. – Vol. 73. – P. 164–170. https://doi.org/10.1016/j.copbio.2021.08.009

2. Ding R., Liu Y., Yang S., Liu Y., Shi H., Yue X., Wu J. High-throughput sequencing provides new insights into the roles and implications of core microbiota present in pasteurized milk // Food Research International. – 2020. – Vol. 137. – P. 109586. https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109586

3. Goodwin S., McPherson J., McCombie W. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies // Nature Reviews Genetics. – 2016. – Vol. 17. – P. 333–351. https://doi.org/10.1038/nrg.2016.49

4. Handelsman J. Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms // Microbiology and Molecular Biology Reviews. – 2004. – Vol. 68(4). – P. 669–685. https://doi.org/10.1128/MMBR.68.4.669-685.2004

5. Park W., Yoo J., Oh S., Ham J.S., Jeong S.G., Kim Y. Microbiological characteristics of Gouda cheese manufactured with pasteurized and raw milk during ripening using next generation sequencing // Food science of animal resources. – 2019. – Vol. 39(4). – P. 585. https://doi.org/10.5851/kosfa.2019.e49
6. Jagadeesan B., Gerner-Smidt P., Allard M. The use of next generation sequencing for improving food safety // Frontiers in Microbiology. – 2019. – Vol. 79. – P. 96–115. https://doi.org/10.1016/j.fm.2018.11.005
7. Watson J, Crick F. Molecular structure of nucleic acids // Nature. – 1953. – Vol. 171. – P. 709-756. https://doi.org/10.1038/171737a0
8. Zallen D T. Despite Franklin's work, Wilkins earned his Nobel // Nature. – 2003. – Vol. 425. – P. 15. https://doi.org/10.1038/425015b
9. Sanger F., Nicklen S., Coulson A.R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors // Proceedings of the National Academy of Sciences. – 1977. – Vol. 74. – P. 5463-5467. https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463
10. Pervez M.T., Hasnain M.J., Abbas S.H. A comprehensive review of performance of next-generation sequencing platforms // BioMed Research International. – 2022. – P. 3457806. https://doi.org/10.1155/2022/3457806
11. Song E.J., Lee E.S., Nam Y.D. Progress of analytical tools and techniques for human gut microbiome research // J Microbiol. – 2018. – Vol. 56. – P. 693–705. https://doi.org/10.1007/s12275-018-8238-5
12. Thursby E., Juge N. Introduction to the human gut microbiota // Biochem J. – 2017. – Vol. 474. – P. 1823–1836. https://doi.org/10.1042/BCJ20160510
13. Turnbaugh P.J., Ley R.E., Hamady M., Fraser-Liggett C.M., Knight R., Gordon J.I. The human microbiome project // Nature. – 2007. – Vol. 449. – P. 804–810. https://doi.org/10.1038/nature06244
14. Tringe S.G., Rubin E.M. Metagenomics: DNA sequencing of environmental samples // Nat Rev Genet. – 2005. – Vol. 6. – P. 805–814. https://doi.org/10.1038/nrg1709
15. Riesenfeld C.S., Schloss P.D., Handelsman J. Metagenomics: genomic analysis of microbial communities // Annu Rev Genet. – 2004. – Vol. 38. – P. 525–552. https://doi.org/10.1146/annurev.genet.38.072902.091216
16. Qin J., Li R., Raes J. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing // Nature. – 2010. – Vol. 464. – P. 59–65. https://doi.org/10.1038/nature08821
17. Vetrovsky T., Baldrian P. The variability of the 16S rRNA gene in bacterial genomes and its consequences for bacterial community analyses // PLoS ONE. – 2013. – Vol. 8. – P. e57923. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057923
18. Stackebrandt E., Goebel B.M. Taxonomic note: a place for DNADNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology // Int J Syst Evol Microbiol. – 1994. – Vol. 44. – P. 846–849. https://doi.org/10.1099/00207713-44-4-846
19. Yarza P., Yilmaz P., Pruesse E. Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences // Nat Rev Microbiol. – 2014. – Vol. 12. – P. 635–645. https://doi.org/10.1038/nrmicro3330
20. McDonald D., Price M.N., Goodrich J. An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea // ISME J. – 2012. – Vol. 6. – P. 610–618. https://doi.org/10.1038/ismej.2011.139
21. Walker J.N., Hanson B.M., Pinkner C.L. Insights into the microbiome of breast implants and periprosthetic tissue in breast implant-associated anaplastic large cell lymphoma // Sci Rep. – 2019. – Vol. 9. – P. 10393. https://doi.org/10.1038/s41598-019-46535-8
22. Sharpton T.J. An introduction to the analysis of shotgun metagenomic data // Front Plant Sci. – 2014. – Vol. 5. – P. 209. https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00209
23. Nash A.K., Auchtung T.A., Wong M.C. The gut mycobiome of the human microbiome project healthy cohort // Microbiome. – 2017. – Vol. 5. – P. 153. https://doi.org/10.1186/s40168-017-0373-4
24. Xia L.C., Cram J.A., Chen T., Fuhrman J.A., Sun F. Accurate genome relative abundance estimation based on shotgun metagenomic reads // PLoS ONE. – 2011. – Vol. 6. – P. e27992. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0027992
25. Compeau P.E., Pevzner P.A., Tesler G. How to apply de Bruijn graphs to genome assembly // Nat Biotechnol. – 2011. – Vol. 29. – P. 987–991. https://doi.org/10.1038/nbt.2023
26. Ayling M., Clark M.D., Leggett R.M. New approaches for metagenome assembly with short

reads // Brief Bioinform. – 2019. – Vol. 21(2). – P. 584–594. https://doi.org/10.1093/bib/bbz020
27. Claesson M.J., Clooney A.G., O'Toole PW. A clinician's guide to microbiome analysis // Nat Rev Gastroenterol Hepatol. – 2017. – Vol. 14. – P. 585–595. https://doi.org/10.1038/nrgastro.2017.97
28. Wood D.E., Salzberg S.L. Kraken: ultrafast metagenomic sequence classification using exact alignments // Genome Biol. – 2014. – Vol. 15 (r46). https://doi.org/10.1186/gb-2014-15-3-r46
29. Quigley L., McCarthy R., O'Sullivan O., Beresford T.P., Fitzgerald G.F., Ross R.P., Cotter P.D. The microbial content of raw and pasteurized cow milk as determined by molecular approaches // Journal of Dairy Science. – 2013. – Vol. 6(8). – P. 4928–4937. https://doi.org/10.3168/jds.2013-6688
30. Zhang M., Dang N., Ren D., Zhao F., Lv R., Ma T., Liu W. Comparison of bacterial microbiota in raw mare's milk and koumiss using PacBio single molecule real-time sequencing technology // Frontiers in Microbiology. – 2020. – Vol. 11. – P. 581610. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.581610
31. Cao H., Yan Y., Wang L., Dong L., Pang X., Tang S., Li A., Xiang A., Zhang L., Zheng, B. High-Throughput Sequencing Reveals Bacterial Diversity in Raw Milk Production Environment and Production Chain in Tangshan City of China // Food science of animal resources. – 2021. – Vol. 41(3). – P. 452–467. https://doi.org/10.5851/kosfa.2021.e10
32. Quigley L., O'Sullivan O., Stanton C. et al. The complex microbiota of raw milk // FEMS Microbiology Reviews. – 2013. – Vol. 37. – P. 664–698. https://doi.org/10.1111/1574-6976.12030
33. Ding R., He K., Wu R., Lou M., Liu Z., Piao Y., Wu J. Research on the quality deterioration of ultrahigh temperature milk products during shelf life: Core microorganisms and related characteristics // Food Science and Human Wellness. – 2024. – Vol. 13(5). – P. 2866-2875. https://doi.org/10.26599/FSHW.2022.9250232
34. Breitenwieser F., Doll E.V., Clavel T., Scherer S., Wenning M. Complementary use of cultivation and high-throughput amplicon sequencing reveals high biodiversity within raw milk microbiota // Frontiers in Microbiology. – 2020. – Vol. 11. – P. 1557. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01557
35. Ding F., Krasilnikova A.A., Leontieva M.R., Stoyanova L.G., Netrusov A.I. Analysis of kefir grains from different regions of the planet using high-throughput sequencing // Moscow University Biological Sciences Bulletin. – 2022. – Vol. 77(4). – P. 286-291. https://doi.org/10.3103/S0096392522040010
36. Walsh A.M., Crispie F., Kilcawley K., O'Sullivan O., O'Sullivan M.G., Claesson M.J., Cotter P.D. Microbial succession and flavor production in the fermented dairy beverage kefir // American society for microbiology . – 2016. – Vol. 1(5). https://doi.org/10.1128/msystems.00052-16
37. Ercolini D., De Filippis F., La Storia A., Iacono M. Remake by high-throughput sequencing of the microbiota involved in the production of water buffalo Mozzarella cheese // Applied and Environmental Microbiology. – 2012. – Vol. 78(22). – P. 8142–8145. https://doi.org/10.1128/AEM.02218-12
38. Rocha R., Vaz Velho M., Santos J., Fernandes P. Serra da estrela pdo cheese microbiome as revealed by next generation sequencing // Microorganisms. – 2021. – Vol. 9(10). – P. 2007. https://doi.org/10.3390/microorganisms9102007

СЕКВЕНИРОВАНИЕ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ И ЕГО ПРИМЕНЕНИЕ В ИССЛЕДОВАНИИ МИКРОБИОМА МОЛОЧНЫХ ПРОДУКТОВ

С. Жадыра*, А.Е. Муратбекова, Г.Т. Касенова
Жетысуский университет имени И. Жансугурова,
040000, Республика Казахстан, город Талдыкорган
* akanais@yandex.kz

Аннотация. В последние годы стремительное развитие научных исследований, направленных на изучение микробиологических сообществ, привело к появлению новых молекулярных методов. Среди них технология секвенирования нового поколения (Next Generation Sequencing, NGS) является одним из эффективных инструментов, позволяющих с высокой точностью и в короткие сроки исследовать генетический материал микроорганизмов. Данная технология широко применяется в изучении микробиома, обеспечивая возможность определения таксономического состава микроорганизмов, оценки их разнообразия и анализа функциональных возможностей.

Молоко и молочные продукты являются благоприятной средой для развития микроорганизмов, поэтому исследование их микробиологического состава имеет важное значение для обеспече-

ния безопасности пищевых продуктов и контроля качества продукции. Использование технологии NGS открывает широкие возможности для определения структуры микробных сообществ в молоке и молочных продуктах, анализа их взаимодействий и оценки микробиологических факторов, влияющих на качество продукции.

В данной статье рассматриваются история развития технологии секвенирования нового поколения, методы метагеномного анализа и основные подходы к изучению микробиома. Кроме того, анализируются основные направления применения технологии NGS в исследовании микробиома молока и молочных продуктов. Результаты анализа литературных данных показывают, что технология NGS является важным научным инструментом для изучения микробиологического состава молочных продуктов и обеспечения безопасности пищевых продуктов.

Ключевые слова: новое поколение секвенирования, микробиом, метагеномика, молочные продукты, микробиологическое сообщество.

Next-Generation Sequencing and Its Application in Dairy Microbiome Research

S. Zhadyra*, A.E. Muratbekova, G.T. Kassenova
Zhetysu University named after I.Zhansugurov,
040000, Republic of Kazakhstan, Taldykorgan city
* akanais@yandex.kz

Abstract. In recent years, the rapid advancement of scientific research focused on microbial communities has led to the emergence of novel molecular approaches. Among these, Next Generation Sequencing (NGS) technology has become one of the most effective tools, enabling high-precision and rapid analysis of the genetic material of microorganisms. This technology is widely applied in microbiome research, allowing for the identification of taxonomic composition, assessment of microbial diversity, and analysis of functional potential.

Milk and dairy products provide a favorable environment for microbial growth; therefore, investigating their microbiological composition is essential for ensuring food safety and quality control. The application of NGS technology offers significant opportunities to characterize microbial community structures in milk and dairy products, analyze microbial interactions, and evaluate microbiological factors affecting product quality.

This article reviews the historical development of NGS technology, metagenomic analysis methods, and key approaches to microbiome research. In addition, it examines the main directions of NGS application in the study of milk and dairy product microbiomes. The analysis of literature data demonstrates that NGS technology serves as an important scientific tool for investigating the microbiological composition of dairy products and ensuring food safety.

Keywords: next-generation sequencing, microbiome, metagenomics, dairy products, microbial community.