

Záverečná karta projektu

Názov projektu Evidenčné číslo projektu **APVV-16-0264****Zvýšenie organoleptickej kvality vína aplikáciou nesacharomycétových koštartérov optimalizovanou na základe analýzy mikrobiológie použitím NGS a analýzy arómy**Zodpovedný riešiteľ **RNDr. Tomáš Szemes, PhD.**Príjemca **Univerzita Komenského v Bratislave - Univerzita Komenského v Bratislave, Vedecký park**

Názov pracoviska, na ktorom bol projekt riešený

Žiadateľ:

Laboratórium genomiky a bioinformatiky, Vedecký park UK

Partneri projektu:

Ústav Molekulárnej Biológie SAV - Oddelenie mikrobiálnej ekológie

Národné poľnohospodárske a potravinárske centrum - Odbor mikrobiológie, molekulárnej biológie a biotechnológií

Názov a štát zahraničného pracoviska, ktoré spolupracovalo pri riešení

-

Udelené patenty/podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory, ktoré sú výsledkami projektu

-

Najvýznamnejšie publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu – uveďte aj publikácie prijaté do tlače

Zahraničné karentové publikácie:

Böhmer M, Smolák D, Ženišová K, Čaplová Z, Pangallo D, Puškárová A, Bučková M, Cabicarová T, Budiš J, Šoltýs K, Rusňáková D, Kuchta T, Szemes T. Comparison of microbial diversity during two different wine fermentation processes. FEMS Microbiol Lett. 2020 Sep 25;367(18):fnaa150. doi: 10.1093/femsle/fnaa150. PMID: 32897314.

Böhmer M, Ozdín D, Račko M, Lichvár M, Budiš J, Szemes T. Identification of Bacterial and Fungal Communities in the Roots of Orchids and Surrounding Soil in Heavy Metal Contaminated Area of Mining Heaps. Applied Sciences. 2020; 10(20):7367.

<https://doi.org/10.3390/app10207367>

Domáca karentová publikácia:

Ženišová, K., Cabicarová, T., Sidari, R., Kolek, E., Pangallo, D., Szemes, T., Kuchta, T. Effects of co-fermentation with Lachancea thermotolerans or Metschnikowia pulcherrima on concentration of aroma compounds in Pinot Blanc wine. Journal of Food and Nutrition Research 2021 Jan.

Článok po zapracovaní po 2. opravnom review v zahraničnom karentovanom Journal of Computational Biology

Budiš J., Krampl W., Kucharík M., Hekel R., Lichvár M., Smolák D., Böhmer M., Baláž A., Ďuriš F., Gazdarica J., Šoltys K., Turňa J., Radvánsky J., Szemes T. SnakeLines: integrated set of computational pipelines for paired-end sequencing reads

Uplatnenie výsledkov projektu

Navrhnutá molekulárna metodika a bioinformatická analytická pipeline pre hodnotenie mikrobiálnej diverzity v rôznych prostrediach má aj vďaka konceptu univerzálneho nástroja uplatnenie pri ďalších štúdiách prostredí, vrátane medicínskych aplikácií.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v slovenskom jazyku (max. 20 riadkov)

- Úspešná realizácia komplexných makrovinifikačných experimentov v replikátoch.
- Preukázanie potenciálu vyššej kvality produkcie pri koštarterových vinifikáciách v kombinácii s autochtónnymi kvasinkami.
- Navrhnutá univerzálna molekulárna metodika a bioinformatická analytická pipeline pre hodnotenie mikrobiálnej diverzity v rôznych prostrediach.
- Alternatívna analýza mikrobiálneho zloženia s využitím RNA ukazuje potenciálne výhody.
- Publikované boli 3 karentové práce a jedna je po zapracovaní komentárov z 2. recenzie submitovaná (predpokladaná akceptácia v krátkom čase).
- Viacero prístupov izolácie dostatočne kvalitnej celkovej RNA z muštu, v súlade s pozorovaniami iných autorov, neboli ani po optimalizácii úspešné.
- Sada unikátnych viacročných genomických dát vinifikačných experimentov s dobrým publikačným potenciálom bude spracovaná do publikácie v roku 2021.
- V rámci implementácie projektu boli vytvorené viaceré diplomové práce ako aj súvisiace dizertačné práce.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v anglickom jazyku (max. 20 riadkov)

- Complex macrovinification experiments in replicates were carried out successfully.
- Vinification with costarter cultures with autochthonous yeast showed promising ways to improve production quality.
- Universal molecular method combined with bioinformatics analytic pipeline for interpretation of microbial content and diversity in environmental samples was prepared.
- Alternative analysis of microbial diversity based on RNA was shown to bring potential advantages.
- Published 3 CC publications, additional 1 manuscript was submitted after modifications following 2. prepublication review (due out soon).
- Several approaches to isolation of sufficient and high quality (integrity) total RNA for NGS analyses from wine must, in agreement with other published work, were not successful even after complex optimizing attempts.
- Set of unique multiannual genomic data of recorded vinification experiments with good publication potential were gathered and will be processed into publication in 2021.
- As part of implementation of the project, numerous master theses as well as associated PhD theses.