

Екатерина Германовна Лазарева^{1✉}, Дарья Дмитриевна Коваль², Алексей Владимирович Хан³, Олег Юрьевич Фоменко⁴

^{1,2,3,4}Всероссийский НИИ молочной промышленности, Москва, Россия

¹e_lazareva@vnimi.org

²d_koval@vnimi.org

³a_khan@vnimi.org

⁴o_fomenko@vnimi.org

ПРИМЕНЕНИЕ СЕКВЕНИРОВАНИЯ В МОЛОЧНОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ

Цель исследования – систематизировать сведения о современных методах высокопроизводительного секвенирования и оценить перспективы их применения в молочной промышленности. Обзор выполнен на основе анализа публикаций, размещенных в базах данных Scopus, Web of Science и eLibrary за 2015–2025 гг. В ходе отбора учитывались полнота описания методологии, достоверность результатов и их практическая значимость. Исключались краткие публикации без описания методов и результатов, а также материалы, не соответствующие тематике секвенирования в молочной отрасли. Рассмотрены принципы, достоинства и ограничения технологий Illumina, Ion Torrent, Oxford Nanopore и PacBio. Выявлены области применения секвенирования: контроль микробиоты молочной продукции, диагностика патогенов и генов антибиотикорезистентности, геномная селекция молочного скота, разработка пробиотических культур. Отмечена ключевая роль метагеномного анализа в оценке микробного состава молока и кисломолочных продуктов, а также его влияния на органолептические и функциональные свойства. Приведены примеры использования геномных данных при отборе животных с высокой продуктивностью и устойчивостью к заболеваниям, а также штаммов бактерий с заданными технологическими характеристиками. Рассмотрена практика внедрения секвенирования в деятельность крупных молочных компаний, включая контроль качества и разработку функциональных продуктов. Отмечены перспективы интеграции данных массового параллельного секвенирования с другими омиксными технологиями, необходимыми для комплексной оценки сырья и готовой продукции. Сделаны выводы о высокой эффективности современных методов секвенирования для повышения качества, безопасности и инновационного уровня молочной продукции, а также о необходимости дальнейшего развития биоинформатических инструментов и междисциплинарного взаимодействия.

Ключевые слова: секвенирование, молочная промышленность, микробиом, патогены, антибиотикорезистентность, геномная селекция, функциональные продукты

Для цитирования: Лазарева Е.Г., Коваль Д.Д., Хан А.В., и др. Применение секвенирования в молочной промышленности // Вестник КрасГАУ. 2025. № 9. С. 315–328. DOI: 10.36718/1819-4036-2025-9-315-328.

Финансирование: финансирование работы осуществлено в рамках раздела FNSS-2025–0002 государственного задания ФГАНУ «ВНИМИ».

Ekaterina Germanovna Lazareva^{1✉}, Darya Dmitrievna Koval², Alexey Vladimirovich Khan³, Oleg Yuryevich Fomenko⁴

^{1,2,3,4}All-Russian Research Institute of Dairy Industry, Moscow, Russia

¹e_lazareva@vnimi.org

²d_koval@vnimi.org

³a_khan@vnimi.org

⁴o_fomenko@vnimi.org

APPLICATION OF SEQUENCING IN THE DAIRY INDUSTRY

The aim of the study is to systematize information on modern high-throughput sequencing methods and assess the prospects for their application in the dairy industry. The review is based on the analysis of publications posted in the Scopus, Web of Science and eLibrary databases for 2015–2025. The selection took into account the completeness of the description of the methodology, the reliability of the results and their practical significance. Brief publications without a description of the methods and results, as well as materials that did not correspond to the topic of sequencing in the dairy industry, were excluded. The principles, advantages and limitations of Illumina, Ion Torrent, Oxford Nanopore and PacBio technologies are considered. The areas of application of sequencing are identified: control of the microbiota of dairy products, diagnostics of pathogens and antibiotic resistance genes, genomic selection of dairy cattle, development of probiotic cultures. The key role of metagenomic analysis in assessing the microbial composition of milk and fermented milk products, as well as its effect on organoleptic and functional properties is noted. Examples of using genomic data in the selection of animals with high productivity and resistance to diseases, as well as bacterial strains with specified technological characteristics are given. The practice of introducing sequencing into the activities of large dairy companies, including quality control and the development of functional products, is considered. The prospects for integrating massive parallel sequencing data with other omics technologies necessary for a comprehensive assessment of raw materials and finished products are noted. Conclusions are made about the high efficiency of modern sequencing methods for improving the quality, safety and innovative level of dairy products, as well as the need for further development of bioinformatics tools and interdisciplinary interaction.

Keywords: sequencing, dairy industry, microbiome, pathogens, antibiotic resistance, genomic selection, functional products

For citation: Lazareva EG, Koval DD, Khan AV, et al. Application of sequencing in the dairy industry. *Bulletin of KSAU*. 2025;(9):315-328. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2025-9-315-328.

Funding: the work was funded as part of Section FNSS-2025–0002 of the state assignment of All-Russian Dairy Research Institute.

Введение. Молочная промышленность, являясь стратегической отраслью агропромышленного комплекса России, демонстрирует устойчивый рост. По данным за 2024 г., производство сырого молока достигло 34 млн т (+200 тыс. т к предыдущему периоду), причем 70 % объема производства приходится на организованный сектор [1]. Увеличение сырьевой базы сопровождается ростом производства ключевых категорий молочной продукции, включая питьевое молоко (+8 %), сыры (+6 %), сливки (+5 %), мороженое (+4 %), а также кисломолочные напитки (+12 %) и йогурты (+10 %).

Особое место в структуре производства занимают кисломолочные продукты, обладающие широким спектром функциональных свойств [2–4]. Согласно исследованиям О. Yerlikaya [5], они содержат не только незаменимые нутриенты, но и пробиотические культуры (*Lactobacillus*, *Bifidobacterium* и др.), способные модулировать микробиом кишечника, снижать уровень холестерина, проявлять антимикробную и антиканцерогенную активность, а также способствовать профилактике аллергических заболеваний и диабета 2-го типа [6, 7]. Например, кефир может

подавлять патогенные микроорганизмы (*Escherichia coli*, *Listeria monocytogenes*) за счет синтеза бактериоцинов и органических кислот [8]. Однако эффективность и безопасность таких продуктов зависят от состава их микробиоты и условий производства/хранения [9].

Несмотря на значительный вклад кисломолочных продуктов в рацион, проблема их биобезопасности остается актуальной для молочной промышленности. По данным глобальных исследований [10], патогенные микроорганизмы (*Mycobacterium bovis*, *Campylobacter* spp., *Salmonella enterica*) и химические токсины (афлатоксин M1) ежегодно вызывают множество случаев заболеваний и серьезные экономические потери. В российских реалиях риски заболеваний усугубляются недостаточно жестким контролем над отдельными сегментами поставок сырья и возможными сбоями в соблюдении санитарных норм. Нарушения температурного режима легко приводят к контаминации продукции *Staphylococcus aureus* или *Listeria monocytogenes*, что особенно опасно для уязвимых групп населения [11].

В условиях глобализации и ужесточения нормативно-правовых требований традиционные методы микробиологического контроля часто оказываются неэффективными [12]. Для своевременной идентификации патогенов и мониторинга изменений микробиома необходимы современные биотехнологические подходы, такие как высокопроизводительное секвенирование. Они не только позволяют оперативно обнаруживать опасные микроорганизмы, но и дают возможность целенаправленно формировать полезный состав микрофлоры кисломолочных продуктов, повышая их пробиотический потенциал.

Цель исследования – систематизировать сведения о современных методах высокопроизводительного секвенирования и оценить перспективы их применения в молочной промышленности.

Объекты и методы. В ходе подготовки обзора были использованы статьи и материалы, опубликованные преимущественно в рецензируемых научных журналах, доступных в базах данных Scopus, Web of Science и eLibrary за период 2015–2025 гг. В качестве ключевых слов при поиске применялись такие термины, как «молочная промышленность», «milk microbiome», «NGS», «16S rRNA sequencing», «metagenomics», «antibiotic resistance», «pathogens» и «Oxford Nanopore sequencing» в различных комбинациях. Из выборки были исключены краткие тезисы, в которых отсутствовало детальное описание методологии исследования и полученных результатов, а также публикации, не соответствующие тематике применения секвенирования в молочной отрасли. При отборе публикаций учитывалась полнота описания экс-

периментальных исследований, достоверность статистических данных и степень взаимосвязи с практическими аспектами молочного производства. На втором этапе проведенного анализа отобранные статьи были исследованы на применение методов секвенирования (Illumina, Ion Torrent, Oxford Nanopore, PacBio и др.) и биоинформатических алгоритмов анализа для обеспечения безопасности, повышения эффективности и технического развития молочного производства.

Результаты и их обсуждение. Секвенирование ДНК является ключевым инструментом в геномных исследованиях, позволяя проводить высокоточный анализ нуклеотидных последовательностей для различных целей: от фундаментальных исследований эволюционной биологии до прикладных задач в биомедицине и биотехнологии [13]. С момента разработки метода Сенгера в 1977 г. технологии секвенирования значительно эволюционировали, повысив точность, скорость и масштабируемость анализа. Современные методы включают секвенирование первого (Сенгер), второго (NGS, включая платформы Illumina и Ion Torrent) и третьего поколения (Oxford Nanopore, PacBio). Разнообразие методов позволяет выбирать оптимальный подход в зависимости от специфики поставленной задачи, будь то полногеномное секвенирование, метагеномный анализ или таргетное секвенирование отдельных генов.

В таблице 1 представлены основные методы секвенирования, их ключевые характеристики, преимущества и ограничения, что позволяет оценить их применимость в различных научных и прикладных исследованиях.

Таблица 1

**Методы секвенирования
Methods of sequencing**

Метод 1	Принцип работы 2	Длина ридов 3	Точность 4	Преимущества 5	Недостатки 6
Секвенирование по Сенгеру	Инкорпорация флуоресцентно-меченых дидеоксинуклеотидов, остановка синтеза цепи ДНК	~800–1000 п.о.	> 99,99 %	Высокая точность, хорошо изученный метод	Дороговизна, низкая производительность
Пиросеквенирование (454 Roche)	Основано на высвобождении пирофосфата при добавлении нуклеотида	400–1000 п.о.	98–99 %	Длинные риды, высокая скорость	Высокая стоимость, сложность обработки данных
Секвенирование лигированием (SOLiD, Life Technologies)	Использует лигирование коротких меченых олигонуклеотидов	50–75 п.о.	> 99,9 %	Высокая точность, подходит для больших геномов	Короткие риды, сложная подготовка образцов

Окончание табл. 1

1	2	3	4	5	6
Секвенирование синтезом (Illumina)	Флуоресцентные меченые нуклеотиды в процессе синтеза ДНК	75–300 п.о.	> 99 %	Высокая точность, массовое параллельное секвенирование	Короткие риды, сложность сборки геномов
Полупроводниковое секвенирование (Ion Torrent)	Измеряет изменение pH при инкорпорации нуклеотида	100–400 п.о.	97–99 %	Быстрое секвенирование, без использования флуоресценции	Ошибки в гомополимерах (AAAA), умеренная стоимость
Нанопоровое секвенирование (Oxford Nanopore)	ДНК пропускается через нанопору, фиксируются изменения ионного тока	5 000–2 000 000 п.о.	90–98 %	Длинные риды, портативность, анализ в реальном времени	Высокий уровень ошибок, требуется биоинформатическая коррекция
Полногеномное секвенирование (WGS, NGS Illumina, Nanopore, PacBio)	Полный анализ генома методом массового параллельного секвенирования	Зависит от платформы	> 99 %	Высокая информативность, возможность анализировать любые организмы	Дорогая обработка данных, требует сложного анализа
Метагеномное секвенирование (16S rRNA, shotgun)	Анализ всей микробиоты без культивирования	от 150–300 п.о. (Illumina), до 100 000 п.о. (Nanopore)	> 99 %	Изучение сложных микробных сообществ	Трудности в таксономическом анализе

При выборе оптимального метода секвенирования предприятия пищевой промышленности и исследовательские группы руководствуются несколькими ключевыми факторами: себестоимость реакции (цена реактивов, оборудования и обслуживания секвенатора), точность, скорость прочтения, длина ридов, а также наличие готовых протоколов и специалистов, что зачастую определяется наличием доступного оборудования в лаборатории или на предприятии.

Современные методы секвенирования находят широкое применение в различных областях науки и промышленности, включая контроль за микробиотой, изучение генетических факторов устойчивости организмов и разработку новых

биотехнологических решений. В молочной промышленности данные технологии используются для мониторинга микробного состава продуктов, выявления патогенов, оценки качества сырья и генетического улучшения продуктивных животных. Секвенирование позволяет не только идентифицировать микроорганизмы и их метаболические свойства, но и анализировать механизмы антибиотикорезистентности, что играет ключевую роль в обеспечении биобезопасности.

В таблице 2 представлены основные направления применения секвенирования в молочной промышленности, их ключевые задачи и наиболее подходящие методы анализа.

Таблица 2

Примеры применения секвенирования в молочной промышленности Examples of Sequencing Applications in the Dairy Industry

Область применения	Описание задачи	Рекомендуемые методы и технологии секвенирования
1	2	3
Определение подлинности молока и молочных продуктов	Определение видового состава молока (коровье, козье, овечье)	Сенгер, WGS, таргетное секвенирование
Контроль качества заквасочных культур	Анализ геномов молочнокислых бактерий (<i>Lactobacillus</i> , <i>Bifidobacterium</i> , <i>Streptococcus</i>)	WGS, Nanopore, PacBio

1	2	3
Идентификация патогенов	Выявление бактерий (<i>Listeria</i> , <i>Salmonella</i> , <i>E. coli</i>) в сыром и пастеризованном молоке	Metagenomics (16S pPHK), WGS
Выявление антибиотикорезистентности	Анализ генов устойчивости к антибиотикам у бактерий, присутствующих в молочной продукции	WGS, Nanopore, Illumina
Метагеномика кисломолочных продуктов	Анализ бактериальных и грибковых сообществ в сырах, йогуртах, кефире	16S pPHK секвенирование, shotgun metagenomics
Геномное редактирование молочнокислых бактерий	Оптимизация штаммов для улучшенной ферментации и вкуса	WGS, Nanopore
Разработка пробиотиков и функциональных продуктов	Выбор перспективных бактериальных штаммов с улучшенными свойствами	WGS, PacBio, Nanopore

Методы секвенирования ДНК применяются для генетических исследований молочного скота, контроля микробиома молочной продукции, диагностики патогенов и разработки функциональных продуктов. Ниже рассмотрены ключевые области применения секвенирования в молочной отрасли.

Генетика и селекция молочного скота

Методы геномных исследований, такие как полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) и технологии секвенирования нового поколения (NGS), стали основой для выявления ключевых генетических маркеров, влияющих на продуктивность, здоровье и адаптацию молочного скота. Данные подходы позволяют не только идентифицировать гены, связанные с удоем, составом молока и устойчивостью к заболеваниям, но и оптимизировать селекционные программы за счет целенаправленного использования выявленных вариантов [14].

Многочисленные исследования подтверждают роль генов, отвечающих за молочную продуктивность, среди которых особое внимание уделяется ABCG2 и DGAT1 [15, 16]. Например, мутация Y581S в гене ABCG2 ассоциирована с повышенным удоем, но сниженным содержанием жира и белка, что характерно для голштинских коров в разных странах. В то же время аллель K232A гена DGAT1, напротив, коррелирует с увеличенной жирностью молока и активно используется в селекционных программах. Эти гены, наряду с SCD1, GH и CSN3, неоднократно выявлялись в ходе GWAS-исследований популяций коров Европы, Азии и Бразилии как важные маркеры продуктивности.

Помимо продуктивности, GWAS активно применяется для изучения устойчивости к заболеваниям и адаптации к экстремальным климатическим условиям. Например, анализ геномных данных породы гузера позволил выявить гены, ответственные за устойчивость к высоким температурам, и иммунный ответ, что важно для скотоводческих регионов с жарким климатом [17]. Дополнительно, применение таргетного секвенирования локусов, связанных с устойчивостью к инфекционным заболеваниям, позволило значительно ускорить селекцию животных, обладающих высокой продуктивностью и резистентностью к заболеваниям, таким как лейкоз крупного рогатого скота (BLV) [18].

Расширение спектра генетических маркеров, применяемых в молочной промышленности, способствует более глубокому пониманию их влияния на качество молока. Так, полиморфизм гена THRSP, регулирующего метаболизм жирных кислот, оказывает влияние на липидный профиль молока, что делает его важным маркером для селекции животных с оптимальным составом жирнокислотной фазы молока [19]. Вариации в экспрессии генов, регулирующих синтез цитрата, определяют буферные свойства молока, что особенно важно в сыроделии [20]. Кроме того, GWAS-исследования позволили выявить маркеры, связанные с выходом сыра из молока-сырья, что открывает перспективы селекционного отбора животных, молоко которых обладает улучшенными технологическими характеристиками [21].

Следовательно, интеграция методов NGS и GWAS в современные генетические исследования молочного скота не только позволяет по-

вышать продуктивность и улучшать состав молока, но и способствует отбору животных с высокой устойчивостью к заболеваниям и климатическим стрессам. В связи с этим появляются новые возможности для целенаправленного формирования пород с улучшенными характеристиками, что имеет значительное значение как для животноводства, так и для молочной промышленности.

Контроль микробиома молочной продукции

Для изучения микробиоты молочных продуктов ключевым инструментом становится метагеномное секвенирование (полногеномное секвенирование 16S РНК, секвенирование отдельных вариабельных участков 16S РНК, метод дробовика «Shotgun»), которое проводится с использованием технологий секвенирования второго и третьего поколений. Это позволяет не только понять таксономическое разнообразие микроорганизмов, но и оценить их влияние на органолептические свойства и биохимический профиль продукции [22]. Традиционные подходы, основанные на культивировании микроорганизмов, зачастую не позволяют выявить редкие или труднокультивируемые виды. Однако с появлением технологий секвенирования нового поколения (NGS), таких как Illumina, анализ микробиоты стал более точным, хотя ограничения, связанные с малой длиной прочтений, затрудняют видовую идентификацию. Решением этой проблемы стал переход к методам, основанным на использовании длинных прочтений, например PacBio, где полноразмерное секвенирование 16S рРНК позволяет различать бактерии на уровне видов. Исследования традиционных кисломолочных продуктов Центральной Азии, Казахстана, России продемонстрировали доминирование *Streptococcus salivarius*, *Lactobacillus helveticus*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Enterobacter xiangfangensis* и *Acinetobacter baumannii* [23].

Метагеномные исследования показали, что состав микробиоты напрямую определяет характеристики молочных продуктов [24]. Например, в таком продукте, как айран, преобладают *Lactobacillus delbrueckii* и *Streptococcus thermophilus*, однако присутствие субдоминантных видов, таких как *Lentilactobacillus kefir*, придает продукту уникальные вкусовые и реологические свойства. Аналогично анализ кумыса позволил выявить ключевые таксоны дрожжей и бактерий, ответственные за его органолептические

особенности. В сыроделии метагеномика также активно применяется для идентификации микробных сообществ, влияющих на созревание сыра, формирование его аромата и текстуры. Например, известно, что *Lactococcus lactis* и *Penicillium spp.* играют важную роль в развитии вкусоароматических характеристик различных сортов сыра [25].

Помимо анализа микробиома для улучшения вкусовых качеств продукции, метагеномное секвенирование активно используется для мониторинга бактериального загрязнения на всех этапах производства – от фермы до конечного продукта. Так, исследование сырого молока в Китае [26] показало, что его микробиологический состав изменяется в процессе транспортировки и хранения.

Кроме того, микробиомный анализ позволяет изучать различия в составе молока различных видов животных. Например, исследования показали, что молоко буйволов обладает уникальным биохимическим профилем, обусловленным присутствием специфических бактериальных сообществ [27]. Полученные данные помогают адаптировать технологии переработки под особенности разного сырья, что, в свою очередь, способствует улучшению качества конечной продукции и ее органолептических характеристик.

Диагностика патогенов и антибиотикорезистентности

В настоящее время молекулярные технологии активно используются для контроля безопасности молочной продукции, позволяя оперативно выявлять патогены и анализировать гены устойчивости к антибиотикам. Классические методы, включая ПЦР и секвенирование по Сэнгеру, широко применяются для идентификации таких бактерий, как *Staphylococcus aureus* и *Coxiella burnetii*, в сыром молоке. Например, исследование в Восточной Турции подтвердило эффективность этих методов для мониторинга патогенов в молочных продуктах [28]. Однако их ограниченная пропускная способность и необходимость предварительного культивирования микроорганизмов стимулировали переход к более совершенным технологиям, таким как высокопроизводительное секвенирование (NGS).

Методы NGS, включая платформу Illumina MiSeq, доказали свою эффективность в обнаружении *Listeria monocytogenes* и *Salmonella enterica* в цепях поставок молока [26]. Данный подход позволяет не только выявлять патогены,

но и определять их происхождение, факторы вирулентности и механизмы устойчивости к антибиотикам. Метагеномное секвенирование полных геномов («shotgun») без предварительного культивирования образцов позволяет обнаруживать даже минимальные концентрации патогенов в пищевых матрицах, что существенно ускоряет контроль качества.

Одной из ключевых проблем молочной промышленности остается антибиотикорезистентность. Например, исследование Rubiola и др. [29] выявило гены антибиотикорезистентности в производственной среде, подчеркнув необходимость мониторинга на всех этапах переработки молока. Также метагеномный анализ сырого молока выявил гены устойчивости к бета-лактамам (например, ген β -лактамазы PC1), тетрациклинам и фторхинолонам, многие из которых расположены на мобильных плазмидах [30]. Это создает риск горизонтального переноса устойчивости между бактериями, превращая сырое молоко в потенциальный резервуар антибиотикорезистентных генов. Полногеномное секвенирование изолятов, таких как промышленные штаммы *Bacillus cereus* из пастеризованного молока, подтвердило наличие генов множественной лекарственной устойчивости, а мониторинг возбудителей мастита (*Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae*) выявил распространенность резистентности к пенициллину и макролидам [31]. Эти данные помогают корректировать применение антибиотиков на фермах, снижая селективное давление на устойчивые штаммы [32].

В последние годы молочная промышленность сталкивается с новыми вызовами, включая вирусные угрозы: исследование König и др. [33] обнаружило циркулярные одноцепочечные ДНК-вирусы в молоке овец и коз, что требует внедрения секвенирования для оценки подобных рисков. Параллельно генетические исследования, такие как анализ полиморфизма гена TLR2 у коз [34], открывают возможности для селекции животных с усиленным врожденным иммунитетом.

Разработка функциональных молочных продуктов

Секвенирование геномов молочнокислых бактерий, таких как *Lactobacillus* и *Bifidobacterium*, открыло возможности для разработки пробиотических заквасок с улучшенными функциональными и технологическими свойствами. Например, методы полногеномного анализа позво-

ляют идентифицировать штаммы, способные улучшать усвоение лактозы и положительно влиять на микробиом кишечника. Исследования Bergsveinson et al. [35] демонстрируют, что секвенирование помогает отбирать штаммы с целевыми метаболическими путями, что особенно актуально для кисломолочных напитков. Более того, полногеномное секвенирование *Lactobacillus plantarum* выявило гены, ответственные за синтез бактериоцинов – природных антимикробных соединений, и метаболизм лактозы, что напрямую влияет на функциональную активность пробиотиков [36].

Важным аспектом геномного анализа является оценка безопасности и эффективности штаммов. Например, при секвенировании пробиотического микроорганизма *Lactobacillus sp. HFC8*, выделенного из кишечника человека, были обнаружены кластеры генов, отвечающих за синтез бактериоцинов, адгезию к слизистой оболочке, устойчивость к окислительному стрессу и утилизацию лактозы [37]. Данные свойства критичны для выживания бактерий в ЖКТ и их конкуренции с патогенами. Аналогичные исследования подтвердили пробиотический потенциал коммерческих штаммов, таких как *Bifidobacterium animalis subsp. lactis* BB-12 и *Lactocaseibacillus rhamnosus* GG, в геномах которых идентифицированы гены синтеза экзополисахаридов, переносчиков пребиотиков и стрессовых белков [38].

В сыроделии секвенирование играет ключевую роль в управлении органолептическими свойствами продукции. Например, анализ летучих органических соединений с помощью методов GC-IMS и Сэнгерского секвенирования позволил связать микробный состав сыров с их ароматическим профилем [39]. Исследования *Lactococcus lactis* показали, что вариации в генах, кодирующих ферменты деградации аминокислот, напрямую влияют на формирование вкуса выдержанных сыров [40]. Интересно, что многие ключевые гены, такие как гены утилизации лактозы или синтеза ароматических соединений, локализованы на плазмидах, что объясняет значительные различия между промышленными штаммами. Например, у *Lactococcus lactis* гены метаболизма цитрата, отвечающие за пикантный вкус, и гены синтеза экзополисахаридов, улучшающих текстуру йогуртов, часто находятся на мобильных генетических элементах. Это легло в основу «функциональной геномики заквасок» – подхода, направленного на

селекцию штаммов с заданными свойствами, такими как стабильность в производстве (удаление дефектных профагов) или повышенная выработка биоактивных пептидов (*Lactobacillus helveticus*) [41].

Стоит отметить, что эффективность такого штамма, как *Lactobacillus helveticus*, в модуляции физиологических процессов подтверждена клиническими исследованиями. Например, ферментированное молоко с *Lactobacillus helveticus* улучшило когнитивные функции у пожилых людей, снизив уровень тревожности и усилив память [42]. Другой пример – кисломолочный напиток с данным штаммом, продемонстрировавший гипотензивный эффект у пациентов с гипертензией [43].

Таким образом, применение геномного секвенирования, метаболомного анализа и клинических исследований позволяет разрабатывать функциональные молочные продукты с прогнозируемыми свойствами. Это способствует не только контролю текстуры и вкуса, но и изучению их потенциального влияния на здоровье человека, включая иммунную функцию, метаболизм и когнитивные процессы. Такой подход расширяет возможности персонализированного питания, обеспечивая научно обоснованный подбор заквасок на основе их генетических характеристик.

Вызовы и перспективы развития секвенирования в молочной промышленности

Современные методы секвенирования находят широкое применение в молочной промышленности, позволяя не только оптимизировать производство, но и расширять научные перспективы в области биотехнологии. Крупные компании, такие как Nestlé и Danone, интегрировали геномные технологии в производственные процессы. Например, полногеномное секвенирование штамма *Lactobacillus johnsonii* La1, используемого в йогуртах «LC1», позволило выявить гены, связанные с его устойчивостью в желудочно-кишечном тракте и пробиотической активностью [44]. Аналогично расшифровка генома *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* (штамм CNCM I-2494) для йогурта «Активиа» подтвердила его безопасность и наличие клинически значимых эффектов, таких как снижение частоты кишечных расстройств [45]. Эти примеры иллюстрируют роль секвенирования в стандартизации заквасочных культур и разработке функциональных продуктов с научно подтвержденными свойствами.

Экономические преимущества геномных технологий подтверждаются данными из животноводства. Внедрение секвенирования в селекцию ускорило генетический прогресс по ключевым признакам (удой, состав молока) в 1,5–2 раза по сравнению с традиционными методами [46]. В Новой Зеландии применение ДНК-маркерного отбора телок привело к увеличению индекса продуктивности стада (BPI) с 136 до 184 за два года, что коррелирует с дополнительной прибылью до 72,9 NZD на корову ежегодно. Кроме того, использование полногеномного секвенирования (WGS) для мониторинга патогенов, таких как *Listeria monocytogenes*, снижает риски отзывов продукции, что подтверждается случаями предотвращения вспышек в промышленных масштабах [47].

Однако внедрение секвенирования сталкивается с методологическими ограничениями. Разнообразие платформ (Illumina, Oxford Nanopore, PacBio) с присущими им вариациями в точности, длине ридов и стоимости затрудняет стандартизацию протоколов. Например, метагеномный анализ микробиома молочных продуктов требует согласованных подходов к подготовке проб и биоинформатической обработке данных, особенно при идентификации функционально активных микроорганизмов [48]. Кроме того, секвенирование способствует разработке персонализированных продуктов. Анализ генов, связанных с метаболизмом лактозы или синтезом бактериоцинов, позволяет создавать линейки для различных групп населения [49, 50].

Таким образом, секвенирование продолжает трансформировать молочную промышленность, однако его потенциал пока еще несколько ограничен необходимостью стандартизации методов, улучшения биоинформатических инструментов и междисциплинарного подхода. Решение этих задач повысит воспроизводимость исследований и расширит возможности для создания безопасных, функциональных и экономически эффективных продуктов.

Заключение. Современные технологии секвенирования выступают фундаментальным инструментом для развития молочной промышленности. Они обеспечивают эффективный контроль качества и биобезопасности, позволяют оперативно выявлять патогенные микроорганизмы и анализировать генетические характеристики сырья и готовых продуктов. Однако повсеместное внедрение секвенирования сопряже-

но с определенными сложностями: необходимы единые стандарты пробоподготовки, разработка универсальных биоинформатических инструментов, способных обрабатывать большие объемы данных, полученных с использованием различных платформ, а также доступное оборудование с высокими показателями пропускной способности и точности. Кроме того, пока недостаточно изучены пути интеграции геномных исследований с другими омиксными технологиями, что могло бы еще больше расширить возможности по созданию функциональных продуктов и совершенствованию технологических процессов.

Несмотря на все существующие вызовы, преимущества секвенирования для молочной отрасли очевидны: снижение рисков производства, формирование пробиотических продуктов с заданными свойствами, генетическая оптимизация молочного скота и усиленный контроль за безопасностью продукции. Дальнейшее совершенствование методов секвенирования, расширение знаний о генетическом разнообразии животных и микроорганизмов, а также усиленная междисциплинарная кооперация будут способствовать инновационному прогрессу, усилению конкурентоспособности и повышению доверия потребителей к молочной продукции.

Список источников

1. Развитие молочной промышленности в России. ТАСС. Доступно по: <https://tass.ru/ekonomika/22940591>. Ссылка активна на: 03.03.2025.
2. Глазунова О.А., Моисеенко К.В., Бегунова А.В., и др. Функциональные свойства и особенности генома заквасочных пробиотических культур лактобактерий // Актуальная биотехнология. 2022. № 1. С. 73–77.
3. Рожкова И.В., Семенихина В.Ф., Бегунова А.В. Развитие микробиологии кисломолочных продуктов, в том числе с пробиотическими свойствами. В сб.: Идеи академика Владимира Дмитриевича Харитонova в наукоемких технологиях переработки молока. М.: ВНИИ молочной промышленности, 2021. С. 227–242. EDN: QXMTAK.
4. Петреченко М.И., Полянская И.С., Габриелян Д.С., и др. Функциональное кисломолочное мороженое // Молочная промышленность. 2021. № 5. С. 49–51. DOI: 10.31515/1019-8946-2021-05-49-51. EDN: EPQUZH.
5. Yerlikaya O. A review of fermented milks: potential beneficial effects on human nutrition and health // African Health Sciences. 2023. Vol. 23, N 4. P. 498–507. DOI: 10.4314/ahs.v23i4.54.
6. Бегунова А.В., Рожкова И.В., Ширшова Т.И., и др. Потенциал молочнокислых бактерий в снижении уровня холестерина // Пищевая промышленность. 2020. № 11. С. 12–15. DOI: 10.24411/0235-2486-2020-10119. EDN: NRILMV.
7. Рожкова И.В., Бегунова А.В., Леонова В.А. Антимикробная активность метаболитов пробиотических культур // Молочная промышленность. 2022. № 9. С. 30–31. DOI: 10.31515/1019-8946-2022-09-30-31.
8. Рожкова И.В. Кефир – пробиотик // Актуальные вопросы молочной промышленности, межотраслевые технологии и системы управления качеством. 2020. Т. 1, № 1 (1). С. 451–456. DOI: 10.37442/978-5-6043854-1-8-2020-1-451-456.
9. Жарко М.Ю., Петров А.Н. К вопросу применения замороженных заквасок в производстве кисломолочных продуктов // Пищевая промышленность. 2023. № 2. С. 15–17. DOI: 10.52653/PPI.2023.2.2.003. EDN: NYVLCQ.
10. Oliver S.P., Jayarao B.M., Almeida R.A. MILK Symposium review: Foodborne diseases from milk and milk products in developing countries // Journal of Dairy Science. 2020. Vol. 103, N 11. P. 9715–9729. DOI: 10.3168/jds.2020-18323.
11. Юрова Е.А., Работькова А.Е. Контроль микробиологических показателей продуктов специализированного питания. В сб.: IV Международная научно-практическая конференция, посвященная памяти Поландовой Раисы Дмитриевны и 90-летию ФГАНУ НИИ хлебопекарной промышленности «Пищевые технологии будущего: инновационные идеи, научный поиск, креативные решения»; Москва, 7 июня 2022. М.: Буки Веди. 2022. С. 253–257. EDN: RHUKRB.
12. Юрова Е.А. Особенность контроля молочной продукции по показателям качества и безопасности // Переработка молока. 2019. № 4 (234). С. 6–9. DOI: 10.33465/2222-5455-2019-4-6-8.

13. Heather J.M., Chain B. The sequence of sequencers: The history of sequencing DNA // *Genomics*. 2016. Vol. 107, N 1. P. 1–8. DOI: 10.1016/j.ygeno.2015.11.003.
14. Jiang L., Liu X., Yang J., et al. Targeted resequencing of GWAS loci reveals novel genetic variants for milk production traits // *BMC Genomics*. 2014. Vol. 15. P. 1105. DOI: 10.1186/1471-2164-15-1105.
15. Jiang J., Gao Y., Hou Y., et al. Whole-Genome Resequencing of Holstein Bulls for Indel Discovery and Identification of Genes Associated with Milk Composition Traits in Dairy Cattle // *PLOS ONE*. 2016. Vol. 11, N 12. P. e0168946. DOI: 10.1371/journal.pone.0168946.
16. Ma Y., Khan M.Z., Xiao J., et al. Genetic Markers Associated with Milk Production Traits in Dairy Cattle // *Agriculture*. 2021. Vol. 11. P. 1018. DOI: 10.3390/agriculture11101018.
17. Silpa M.V., König S., Sejian V., et al. Climate-resilient dairy cattle production: applications of genomic tools and statistical models // *Frontiers in Veterinary Science*. 2021. Vol. 8. P. 625189. DOI: 10.3389/fvets.2021.625189.
18. Lohr C.E., Sporer K.R.B., Brigham K.A., et al. Phenotypic Selection of Dairy Cattle Infected with Bovine Leukemia Virus Demonstrates Immunogenetic Resilience through NGS-Based Genotyping of BoLA MHC Class II Genes // *Pathogens*. 2022. Vol. 11, N 1. P. 104. DOI: 10.3390/pathogens11010104.
19. Polasik D., Golińczak J., Proskura W., et al. Association between THRSP gene polymorphism and fatty acid composition in milk of dairy cows // *Animals*. 2021. Vol. 11. P. 1144. DOI: 10.3390/ani11041144.
20. Cánovas A., Rincón G., Islas-Trejo A., et al. RNA sequencing to study gene expression and single nucleotide polymorphism variation associated with citrate content in cow milk // *Journal of Dairy Science*. 2013. Vol. 96. P. 2637–2648. DOI: 10.3168/jds.2012-6213.
21. Dadousis C., Biffani S., Cipolat-Gotet C., et al. Genome-wide association study for cheese yield and curd nutrient recovery in dairy cows // *Journal of Dairy Science*. 2017. Vol. 100. P. 1259–1271. DOI: 10.3168/jds.2016-11586.
22. Zhong Z., Hou Q., Kwok L., et al. Bacterial microbiota compositions of naturally fermented milk are shaped by both geographic origin and sample type // *Journal of Dairy Science*. 2016. Vol. 99, N 10. P. 7832–7841. DOI: 10.3168/jds.2015-10825.
23. Yu Z., Peng C., Kwok L.-Y., et al. The Bacterial Diversity of Spontaneously Fermented Dairy Products Collected in Northeast Asia // *Foods*. 2021. Vol. 10. C. 2321. DOI: 10.3390/foods10102321.
24. Kochetkova T.V., Grabarnik I.P., Klyukina A.A., et al. Microbial Communities of Artisanal Fermented Milk Products from Russia // *Microorganisms*. 2022. Vol. 10, N 11. C. 2140. DOI: 10.3390/microorganisms10112140.
25. Afshari R., Pillidge C.J., Dias D.A., et al. Cheesomics: the future pathway to understanding cheese flavour and quality // *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. 2018. DOI: 10.1080/10408398.2018.1512471.
26. Cao H., Yan Y., Wang L., et al. 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, N 3. P. 452–467. DOI: 10.5851/kosfa.2021.e10.
27. Luziatelli F., Melini F., Ficca A.G., et al. Core microbiome and bacterial diversity of the Italian Mediterranean river buffalo milk // *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2023. Vol. 107. P. 1875–1886. DOI: 10.1007/s00253-023-12415-5.
28. Kaplan M.F., Kaplan E., Raza A., et al. Evaluation of raw milk samples and vendor-derived *Staphylococcus aureus* and *Coxiella burnetii* prevalence in dairy delicatessens in eastern Turkey // *Food Science & Nutrition*. 2024. Vol. 12. P. 5942–5950. DOI: 10.1002/fsn3.4236.
29. Rubiola S., Chiesa F., Dalmaso A., et al. Detection of antimicrobial resistance genes in the milk production environment: impact of host DNA and sequencing depth // *Frontiers in Microbiology*. 2020. Vol. 11. P. 1983. DOI: 10.3389/fmicb.2020.01983.
30. Tóth A.G., Csabai I., Krikó E., et al. Antimicrobial resistance genes in raw milk for human consumption // *Scientific Reports*. 2020. Vol. 10. P. 7464. DOI: 10.1038/s41598-020-63675-4.
31. Burakova I., Gryaznova M., Smirnova Y., et al. Association of milk microbiome with bovine mastitis before and after antibiotic therapy // *Veterinary World*. 2023. Vol. 16. P. 2389–2402. DOI: 10.14202/vetworld.2023.2389-2402.
32. Du B., Meng L., Wu H., et al. Source Tracker Modeling Based on 16S rDNA Sequencing and Analysis of Microbial Contamination Sources for Pasteurized Milk // *Frontiers in Nutrition*. 2022. Vol. 9. P. 845150. DOI: 10.3389/fnut.2022.845150.

33. König M.-T., Fux R., Link E., et al. Identification and Characterization of Circular Single-Stranded DNA Genomes in Sheep and Goat Milk // *Viruses*. 2021. Vol. 13. P. 2176. DOI: 10.3390/v13112176.
34. Ogorevc J., Simčič M., Zorc M., et al. TLR2 polymorphism (rs650082970) is associated with somatic cell count in goat milk // *PeerJ*. 2019. Vol. 7. P. e7340. DOI: 10.7717/peerj.7340.
35. Bergsveinson J., Kajala I., Ziola B. Next-generation sequencing approaches for improvement of lactic acid bacteria-fermented plant-based beverages // *AIMS Microbiology*. 2017. Vol. 3, N 1. P. 8–24. DOI: 10.3934/microbiol.2017.1.8.
36. Siezen R.J., Vlieg J.E.T. van Hylckama. Genomic diversity and versatility of *Lactobacillus plantarum*, a natural metabolic engineer // *Microbial Cell Factories*. 2011. Vol. 10 (Suppl 1). P. S3. DOI: 10.1186/1475-2859-10-S1-S3.
37. Kumari M., Swarnkar M.K., Kumar S., et al. Complete Genome Sequence of Potential Probiotic *Lactobacillus* sp. HFC8, Isolated from Human Gut Using PacBio SMRT Sequencing // *Genome Announcements*. 2015. Vol. 3, N 6. P. e01337-15. DOI: 10.1128/genomeA.01337-15.
38. Widyastuti Y., Febrisiantosa A., Tidona F. Health-Promoting Properties of *Lactobacilli* in Fermented Dairy Products // *Frontiers in Microbiology*. 2021. Vol. 12. P. 673890. DOI: 10.3389/fmicb.2021.673890.
39. Ruiz M.J., Salatti-Dorado J.A., Cardador M.J., et al. Relationship between volatile organic compounds and microorganisms isolated from raw sheep milk cheeses determined by Sanger sequencing and GC-IMS // *Foods*. 2023. Vol. 12. P. 372. DOI: 10.3390/foods12020372.
40. Chen C., Yao W., Yu H., et al. Dynamics of microbial communities associated with flavor formation during sour juice fermentation and the milk fan drying process // *Journal of Dairy Science*. 2023. Vol. 106, N 11. P. 7432–7446. DOI: 10.3168/jds.2023-23244.
41. Siezen R.J., Bachmann H. Genomics of dairy fermentations // *Microbial Biotechnology*. 2008. Vol. 1, N 6. P. 435–442. DOI: 10.1111/j.1751-7915.2008.00067.x.
42. Widyastuti Y., Febrisiantosa A., Tidona F. Health-Promoting Properties of *Lactobacilli* in Fermented Dairy Products // *Frontiers in Microbiology*. 2021. Vol. 12. P. 673890. DOI: 10.3389/fmicb.2021.673890.
43. Chen Y., Liu W., Xue J., et al. Angiotensin-converting enzyme inhibitory activity of *Lactobacillus helveticus* strains from traditional fermented dairy foods and antihypertensive effect of fermented milk of strain H9 // *Journal of Dairy Science*. 2014. Vol. 97. P. 6680–6692. DOI: 10.3168/jds.2014-7962.
44. Nestlé sequences LC1 genome. BioSpace. Доступно по: <https://biospace.com/nestle-sequences-lc1-genome>. Ссылка активна на 01.03.2025.
45. Chervaux C., Grimaldi C., Bolotin A., Genome Sequence of the Probiotic Strain *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* CNCM I-2494 // *Journal of Bacteriology*. 2011. Vol. 193, N 19. P. 5560–5561. DOI: 10.1128/JB.05716-11.
46. McKimmie C., Forutan M., Tajet H.M., Impact of Implementing Female Genomic Selection and the Use of Sex-Selected Semen Technology on Genetic Gain in a Dairy Herd in New Zealand // *International Journal of Molecular Sciences*. 2025. Vol. 26, N 990. DOI: 10.3390/ijms26030990.
47. Oberg T.S., Steele J.R., Inglehart D.M., et al. *Bifidobacterium dentium* and the dental caries continuum: characterization of its role and virulence factors // *Journal of Dental Research*. 2016. Vol. 95, N 4. P. 417–425. DOI: 10.1177/0022034516639287.
48. Jeon M.-S., Jeong D.M., Doh H., et al. A practical comparison of the next-generation sequencing platform and assemblers using yeast genome // *Life Science Alliance*. 2023. Vol. 6, N 4. DOI: 10.26508/lsa.202201744.
49. Lahiri D., Nag M., Dutta B., et al. Bacteriocin: A natural approach for food safety and food security // *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 2022. Vol. 10. DOI: 10.3389/fbioe.2022.1005918.
50. Porzi M., Burton-Pimentel K.J., Walther B., et al. Development of Personalized Nutrition: Applications in Lactose Intolerance Diagnosis and Management // *Nutrients*. 2021. Vol. 13, N 5. P. 1503. DOI: 10.3390/nu13051503.

References

1. *Razvitie molochnoi promyshlennosti v Rossii*. TASS. Available at: <https://tass.ru/ekonomika/22940591>. Accessed: 2025 Mar 3. (In Russ.).
2. Glazunova OA, Moiseenko KV, Begunova AV, et al. Functional properties and genomic features of starter probiotic *Lactobacilli* cultures. *Actual Biotechnology*. 2022;(1):73-77. (In Russ.).

3. Rozhkova IV, Semeniagina VF, Begunova AV. Razvitie mikrobiologii kislomolochnykh produktov, v tom chisle s probioticheskimi svojstvami. In: *Idei akademika Vladimira Dmitrievicha Haritonova v naukoemkih tekhnologiyah pererabotki moloka*. Moscow: VNII molochnoj promyshlennosti; 2021. P. 227–242. EDN: QXMTAK. (In Russ.).
4. Petrenchenko MI, Polyanskaya IS, Gabrielyan DS, et al. Functional fermented milk ice cream. *Dairy Industry*. 2021;(5):49-51. (In Russ.). DOI: 10.31515/1019-8946-2021-05-49-51. EDN: EPQUZH.
5. Yerlikaya O. A review of fermented milks: potential beneficial effects on human nutrition and health. *African Health Sciences*. 2023;23(4):498-507. DOI:10.4314/ahs.v23i4.54.
6. Begunova AV, Rozhkova IV, Shirshova TI, et al. Potential of lactic acid bacteria in reducing cholesterol levels. *Food Industry*. 2020;(11):12-15. (In Russ.). DOI: 10.24411/0235-2486-2020-10119. EDN: NRILMV.
7. Rozhkova IV, Begunova AV, Leonova VA. Antimicrobial activity of probiotic culture metabolites. *Dairy Industry*. 2022;(9):30-31. (In Russ.). DOI: 10.31515/1019-8946-2022-09-30-31.
8. Rozhkova IV. Kefir as a probiotic. *Current Issues of the Dairy Industry, Cross-sectoral Technologies and Quality Management Systems*. 2020;1(1):451-456. (In Russ.). DOI: 10.37442/978-5-6043854-1-8-2020-1-451-456.
9. Zharko MYu, Petrov AN. On the use of frozen starter cultures in the production of fermented milk products. *Food Industry*. 2023;(2):15-17. (In Russ.). DOI: 10.52653/PPI.2023.2.2.003. EDN: NYVLCQ.
10. Oliver SP, Jayarao BM, Almeida RA. MILK Symposium review: Foodborne diseases from milk and milk products in developing countries. *Journal of Dairy Science*. 2020;103(11):9715-9729. DOI: 10.3168/jds.2020-18323.
11. Yurova EA, Rabotkova AE. Control of microbiological parameters of specialized nutrition products. In: *IV Mezhdunarodnaya nauchno-prakticheskaya konferenciya, posvyashchennaya pamyati Polandovoy Raisy Dmitrievny i 90-letiyu FGANU NII hlebopekarnoj promyshlennosti «Pishchevye tekhnologii budushchego: innovacionnye idei, nauchnyj poisk, kreativnye resheniya»*. Moscow: Buky Vedi; 2022. P. 253–257. (In Russ.). EDN: RHUKRB.
12. Yurova EA. Features of quality and safety control of dairy products. *Milk Processing*. 2019;4(234):6-9. (In Russ.). DOI: 10.33465/2222-5455-2019-4-6-8.
13. Heather JM, Chain B. The sequence of sequencers: the history of sequencing DNA. *Genomics*. 2016;107(1):1-8. DOI: 10.1016/j.ygeno.2015.11.003.
14. Jiang L, Liu X, Yang J, et al. Targeted resequencing of GWAS loci reveals novel genetic variants for milk production traits. *BMC Genomics*. 2014;15:1105. DOI: 10.1186/1471-2164-15-1105.
15. Jiang J, Gao Y, Hou Y, et al. Whole-genome resequencing of Holstein bulls for indel discovery and identification of genes associated with milk composition traits in dairy cattle. *PLoS One*. 2016;11(12):e0168946. DOI: 10.1371/journal.pone.0168946.
16. Ma Y, Khan MZ, Xiao J, et al. Genetic markers associated with milk production traits in dairy cattle. *Agriculture*. 2021;11:1018. DOI: 10.3390/agriculture11101018.
17. Silpa MV, König S, Sejian V, et al. Climate-resilient dairy cattle production: applications of genomic tools and statistical models. *Front Vet Sci*. 2021;8:625189. DOI: 10.3389/fvets.2021.625189.
18. Lohr CE, Sporer KRB, Brigham KA, et al. Phenotypic selection of dairy cattle infected with bovine leukemia virus demonstrates immunogenetic resilience through NGS-based genotyping of BoLA MHC class II genes. *Pathogens*. 2022;11(1):104. DOI: 10.3390/pathogens11010104.
19. Polasik D, Golińczak J, Proskura W, et al. Association between THRSP gene polymorphism and fatty acid composition in milk of dairy cows. *Animals*. 2021;11:1144. DOI: 10.3390/ani11041144.
20. Cánovas A, Rincón G, Islas-Trejo A, et al. RNA sequencing to study gene expression and single nucleotide polymorphism variation associated with citrate content in cow milk. *J Dairy Sci*. 2013; 96:2637-2648. DOI: 10.3168/jds.2012-6213.
21. Dadousis C, Biffani S, Cipolat-Gotet C, et al. Genome-wide association study for cheese yield and curd nutrient recovery in dairy cows. *J Dairy Sci*. 2017;100:1259-1271. DOI: 10.3168/jds.2016-11586.
22. Zhong Z, Hou Q, Kwok L, et al. Bacterial microbiota compositions of naturally fermented milk are shaped by both geographic origin and sample type. *J Dairy Sci*. 2016;99(10):7832-7841. DOI: 10.3168/jds.2015-10825.

23. Yu Z, Peng C, Kwok LY, et al. The bacterial diversity of spontaneously fermented dairy products collected in Northeast Asia. *Foods*. 2021;10:2321. DOI: 10.3390/foods10102321.
24. Kochetkova TV, Grabarnik IP, Klyukina AA, et al. Microbial communities of artisanal fermented milk products from Russia. *Microorganisms*. 2022;10(11):2140. DOI: 10.3390/microorganisms10112140.
25. Afshari R, Pillidge CJ, Dias DA, et al. Cheesomics: the future pathway to understanding cheese flavour and quality. *Crit Rev Food Sci Nutr*. 2018. DOI: 10.1080/10408398.2018.1512471.
26. Cao H, Yan Y, Wang L, et al. High-throughput sequencing reveals bacterial diversity in raw milk production environment and production chain in Tangshan City of China. *Food Sci Anim Resour*. 2021;41(3):452-467. DOI: 10.5851/kosfa.2021.e10.
27. Luziatelli F, Melini F, Ficca AG, et al. Core microbiome and bacterial diversity of the Italian Mediterranean river buffalo milk. *Appl Microbiol Biotechnol*. 2023;107:1875-1886. DOI: 10.1007/s00253-023-12415-5.
28. Kaplan MF, Kaplan E, Raza A, et al. Evaluation of raw milk samples and vendor-derived *Staphylococcus aureus* and *Coxiella burnetii* prevalence in dairy delicatessens in eastern Turkey. *Food Sci Nutr*. 2024;12:5942-5950. DOI: 10.1002/fsn3.4236.
29. Rubiola S, Chiesa F, Dalmasso A, et al. Detection of antimicrobial resistance genes in the milk production environment: impact of host DNA and sequencing depth. *Front Microbiol*. 2020;11:1983. DOI: 10.3389/fmicb.2020.01983.
30. Tóth AG, Csabai I, Krikó E, et al. Antimicrobial resistance genes in raw milk for human consumption. *Sci Rep*. 2020;10:7464. DOI: 10.1038/s41598-020-63675-4.
31. Burakova I, Gryaznova M, Smirnova Y, et al. Association of milk microbiome with bovine mastitis before and after antibiotic therapy. *Vet World*. 2023;16:2389-2402. DOI: 10.14202/vetworld.2023.2389-2402.
32. Du B, Meng L, Wu H, et al. Source tracker modeling based on 16S rDNA sequencing and analysis of microbial contamination sources for pasteurized milk. *Front Nutr*. 2022;9:845150. DOI: 10.3389/fnut.2022.845150.
33. König MT, Fux R, Link E, et al. Identification and characterization of circular single-stranded DNA genomes in sheep and goat milk. *Viruses*. 2021;13:2176. DOI: 10.3390/v13112176.
34. Ogorevc J, Simčič M, Zorc M, et al. TLR2 polymorphism (rs650082970) is associated with somatic cell count in goat milk. *PeerJ*. 2019;7:e7340. DOI: 10.7717/peerj.7340.
35. Bergsveinson J, Kajala I, Ziola B. Next-generation sequencing approaches for improvement of lactic acid bacteria-fermented plant-based beverages. *AIMS Microbiol*. 2017;3(1):8-24. DOI: 10.3934/microbiol.2017.1.8.
36. Siezen RJ, van Hylckama Vlieg JET. Genomic diversity and versatility of *Lactobacillus plantarum*, a natural metabolic engineer. *Microb Cell Fact*. 2011;10(1):S3. DOI: 10.1186/1475-2859-10-S1-S3.
37. Kumari M, Swarnkar MK, Kumar S, et al. Complete genome sequence of potential probiotic *Lactobacillus* sp. HFC8, isolated from human gut using PacBio SMRT sequencing. *Genome Announc*. 2015;3(6):e01337-15. DOI: 10.1128/genomeA.01337-15.
38. Widyastuti Y, Febrisiantosa A, Tidona F. Health-promoting properties of lactobacilli in fermented dairy products. *Front Microbiol*. 2021;12:673890. DOI: 10.3389/fmicb.2021.673890.
39. Ruiz MJ, Salatti-Dorado JA, Cardador MJ, et al. Relationship between volatile organic compounds and microorganisms isolated from raw sheep milk cheeses determined by Sanger sequencing and GC-IMS. *Foods*. 2023;12:372. DOI: 10.3390/foods12020372.
40. Chen C, Yao W, Yu H, et al. Dynamics of microbial communities associated with flavor formation during sour juice fermentation and the milk fan drying process. *J Dairy Sci*. 2023;106(11):7432-7446. DOI: 10.3168/jds.2023-23244.
41. Siezen RJ, Bachmann H. Genomics of dairy fermentations. *Microb Biotechnol*. 2008;1(6):435-442. DOI: 10.1111/j.1751-7915.2008.00067.x.
42. Widyastuti Y, Febrisiantosa A, Tidona F. Health-promoting properties of lactobacilli in fermented dairy products. *Front Microbiol*. 2021;12:673890. DOI: 10.3389/fmicb.2021.673890.

43. Chen Y, Liu W, Xue J, et al. Angiotensin-converting enzyme inhibitory activity of *Lactobacillus helveticus* strains from traditional fermented dairy foods and antihypertensive effect of fermented milk of strain H9. *J Dairy Sci.* 2014;97:6680-6692. DOI: 10.3168/jds.2014-7962.
44. Nestlé sequences LC1 genome. *BioSpace*. Available at: <https://biospace.com/nestle-sequences-lc1-genome>. Accessed: 1 Mar 2025.
45. Chervaux C, Grimaldi C, Bolotin A, et al. Genome sequence of the probiotic strain *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* CNCM I-2494. *J Bacteriol.* 2011;193(19):5560-5561. DOI: 10.1128/JB.05716-11.
46. Mckimmie C, Forutan M, Tajet HM, et al. Impact of implementing female genomic selection and the use of sex-selected semen technology on genetic gain in a dairy herd in New Zealand. *Int J Mol Sci.* 2025;26(990). DOI: 10.3390/ijms26030990.
47. Oberg TS, Steele JR, Inglehart DM, et al. *Bifidobacterium dentium* and the dental caries continuum: characterization of its role and virulence factors. *J Dent Res.* 2016;95(4):417-425. DOI: 10.1177/0022034516639287.
48. Jeon MS, Jeong DM, Doh H, et al. A practical comparison of the next-generation sequencing platform and assemblers using yeast genome. *Life Sci Alliance.* 2023;6(4). DOI: 10.26508/lsa.202201744.
49. Lahiri D, Nag M, Dutta B, et al. Bacteriocin: a natural approach for food safety and food security. *Front Bioeng Biotechnol.* 2022;10. DOI: 10.3389/fbioe.2022.1005918.
50. Porzi M, Burton-Pimentel KJ, Walther B, et al. Development of personalized nutrition: applications in lactose intolerance diagnosis and management. *Nutrients.* 2021;13(5):1503. DOI: 10.3390/nu13051503.

Статья принята к публикации 17.06.2025 / The article accepted for publication 17.06.2025.

Информация об авторах:

Екатерина Германовна Лазарева¹, младший научный сотрудник лаборатории прикладной микробиологии и геномики микроорганизмов, кандидат технических наук

Дарья Дмитриевна Коваль², младший научный сотрудник лаборатории прикладной микробиологии и геномики микроорганизмов

Алексей Владимирович Хан³, младший научный сотрудник лаборатории прикладной микробиологии и геномики микроорганизмов

Олег Юрьевич Фоменко⁴, заведующий лабораторией прикладной микробиологии и геномики микроорганизмов, кандидат биологических наук

Information about the authors:

Ekaterina Germanovna Lazareva¹, Junior Researcher, Laboratory of Applied Microbiology and Genomics of Microorganisms, Candidate of Technical Sciences

Darya Dmitrievna Koval², Junior Researcher, Laboratory of Applied Microbiology and Genomics of Microorganisms

Alexey Vladimirovich Khan³, Junior Researcher, Laboratory of Applied Microbiology and Genomics of Microorganisms

Oleg Yuryevich Fomenko⁴, Head of the Laboratory of Applied Microbiology and Genomics of Microorganisms, Candidate of Biological Sciences

