

# Změny v taxonomii potravinářsky významných bakterií

Zlatica Strašková

---

Bakalářská práce  
2024



Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně  
Fakulta technologická

---

Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně  
Fakulta technologická  
Ústav inženýrství ochrany životního prostředí

Akademický rok: 2023/2024

# ZADÁNÍ BAKALÁŘSKÉ PRÁCE

(projektu, uměleckého díla, uměleckého výkonu)

Jméno a příjmení: **Zlatica Strašková**  
Osobní číslo: **T20981**  
Studijní program: **B0721A210002 Technologie a hodnocení potravin**  
Specializace: **Potravinářské biotechnologie a aplikovaná mikrobiologie**  
Forma studia: **Kombinovaná**  
Téma práce: **Změny v taxonomii potravinářsky významných bakterií**

## Zásady pro vypracování

### *Teoretická část*

Klasifikace, nomenklatura a identifikace v mikrobiologii

Metody identifikace mikroorganismů

Změny v taxonomii potravinářsky významných gramnegativních bakterií

Změny v taxonomii potravinářsky významných grampozitivních bakterií

Forma zpracování bakalářské práce: **tištěná/elektronická**

**Seznam doporučené literatury:**

Sedláček, I. Taxonomie prokaryot. Brno: Masarykova univerzita, 2007, 270 s. ISBN 9788021042070.

Zheng, J. et al. A taxonomic note on the genus *Lactobacillus*: Description of 23 novel genera, emended description of the genus *Lactobacillus* Beijerinck 1901, and union of *Lactobacillaceae* and *Leuconostocaceae*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70:2782-2858. 2020.

Adeolu, M. et al. Genome-based phylogeny and taxonomy of the 'Enterobacteriales': proposal for Enterobacterales ord. nov. divided into the families *Enterobacteriaceae*, *Erwiniaceae* fam. nov., *Pectobacteriaceae* fam. nov., *Yersiniaceae* fam. nov., *Hafniaceae* fam. nov., *Morganellaceae* fam. nov., and *Budviciaceae* fam. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66:5575-5599. 2016.

Lawson, P.A., Reclassification of *Clostridium difficile* as *Clostridioides difficile* (Hall and O'Toole 1935) Prevot 1938. *Anaerobe*, 40:95-99. 2016.

LPSN – List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature – dostupné z: <https://www.bacterio.net/>.

Elektronické zdroje dostupné z knihovny UTB ve Zlíně.

Vedoucí bakalářské práce: **prof. RNDr. Leona Buňková, Ph.D.**  
Ústav inženýrství ochrany životního prostředí

Oponent bakalářské práce: **doc. RNDr. Jan Růžička, Ph.D.**  
Ústav inženýrství ochrany životního prostředí

Datum zadání bakalářské práce: **2. ledna 2024**

Termín odevzdání bakalářské práce: **17. května 2024**

L.S.

---

**prof. Ing. Roman Čermák, Ph.D.**  
děkan

---

**Ing. Jaroslav Filip, Ph.D.**  
ředitel ústavu

Ve Zlíně dne 6. února 2024

## **PROHLÁŠENÍ AUTORKY BAKALÁŘSKÉ PRÁCE**

Beru na vědomí, že:

- bakalářská práce bude uložena v elektronické podobě v univerzitním informačním systému a dostupná k nahlédnutí;
- na moji bakalářskou práci se plně vztahuje zákon č. 121/2000 Sb. o právu autorském, o právech souvisejících s právem autorským a o změně některých zákonů (autorský zákon) ve znění pozdějších právních předpisů, zejm. § 35 odst. 3;
- podle § 60 odst. 1 autorského zákona má Univerzita Tomáše Bati ve Zlíně právo na uzavření licenční smlouvy o užití školního díla v rozsahu § 12 odst. 4 autorského zákona;
- podle § 60 odst. 2 a 3 autorského zákona mohu užít své dílo – bakalářskou práci nebo poskytnout licenci k jejímu využití jen s předchozím písemným souhlasem Univerzity Tomáše Bati ve Zlíně, která je oprávněna v takovém případě ode mne požadovat přiměřený příspěvek na úhradu nákladů, které byly Univerzitou Tomáše Bati ve Zlíně na vytvoření díla vynaloženy (až do jejich skutečné výše);
- pokud bylo k vypracování bakalářské práce využito softwaru poskytnutého Univerzitou Tomáše Bati ve Zlíně nebo jinými subjekty pouze ke studijním a výzkumným účelům (tj. k nekomerčnímu využití), nelze výsledky bakalářské práce využít ke komerčním účelům;
- pokud je výstupem bakalářské práce jakýkoliv softwarový produkt, považují se za součást práce rovněž i zdrojové kódy, popř. soubory, ze kterých se projekt skládá. Neodevzdání této součásti může být důvodem k neobhájení práce.

### **Prohlašuji,**

- že jsem na bakalářské práci pracovala samostatně a použitou literaturu jsem citovala. V případě publikace výsledků budu uveden jako spoluautorka.
- že odevzdaná verze bakalářské práce a verze elektronická nahraná do IS/STAG jsou obsahově totožné.

Ve Zlíně dne:

Jméno a příjmení studentky:

.....  
podpis studentky

## ABSTRAKT

Bakalářská práce se věnuje změnám v taxonomii potravinářsky významných grampozitivních a gramnegativních bakterií. První část se zabývá charakteristikou, výskytem a rozdělením bakterií podle fyziologických vlastností. Dále je zpracována taxonomie bakterií, jejich zařazení do taxonomického systému a metody identifikace bakterií izolovaných z potravin. Třetí kapitola je věnována charakteristice bakterií významných v potravinářství. V poslední kapitole bakalářské práce se věnujeme změnám v taxonomii bakterií se zaměřením zejména na rody G<sup>+</sup> a G<sup>-</sup> bakterií, které se v pozitivním nebo negativním směru uplatňují v potravinářském průmyslu, jako např. rody *Clostridium*, *Bacillus*, *Enterobacter*, *Arcobacter*, *Arcobacter-like* druhy, skupina bakterií mléčného kvašení, ale i v čeledi jako například *Streptococcaceae*, *Bifidobacteriaceae*, *Propionibacteriaceae*, *Brevibacteriaceae* a *Acetobacteraceae*.

Klíčová slova: bakterie, grampozitivní bakterie, gramnegativní bakterie, taxonomie, potravinářství

## ABSTRACT

The bachelor's thesis deals with changes in the taxonomy of gram-positive and gram-negative bacteria which are important in the food industry. The first part of the bachelor's thesis deals with the characteristic, occurrence and distribution of bacteria according to physiological properties. In the next chapter is processed the taxonomy of bacteria, their inclusion to the taxonomic system and the methods of identification of bacteria isolated from food used in taxonomy are processed. The third chapter is dedicated to the characteristics of bacteria which are important in the food industry. In the last chapter of the bachelor's thesis, we deal with changes in the taxonomy of bacteria, focusing mainly on genera G<sup>+</sup> and G<sup>-</sup> bacteria, which are applied in a positive or in a negative way in the food industry, such as genera *Clostridium*, *Bacillus*, *Enterobacter*, *Arcobacter*, *Arcobacter-like* species, group of lactic acid bacteria, but also in families such as *Streptococcaceae*, *Bifidobacteriaceae*, *Propionibacteriaceae*, *Brevibacteriaceae* and *Acetobacteraceae*.

Keywords: bacteria, grampositive-bacteria, gramnegative-bacteria, taxonomy, food industry

## ABSTRAKT

Bakalárska práca sa venuje zmenám v taxonómii potravinársky významných grampozitívnych a gramnegatívnych baktérií. Prvá časť sa zaoberá charakteristikou, výskytom a rozdelením baktérií podľa fyziologických vlastností. Ďalej je spracovaná taxonómia baktérií, ich zaradenie do taxonomického systému a metódy identifikácie baktérií izolovaných z potravín. Tretia kapitola je venovaná charakteristike baktérií významných v potravinárstve. V poslednej kapitole bakalárskej práce sa venujeme zmenám v taxonómii baktérií so zameraním najmä na rody G<sup>+</sup> a G<sup>-</sup> baktérií, ktoré sa v pozitívnom alebo v negatívnom smere uplatňujú v potravinárskom priemysle, ako napr. rody *Clostridium*, *Bacillus*, *Enterobacter*, *Arcobacter*, *Arcobacter*-like druhy, skupina baktérií mliečneho kvasenia, ale aj v čeľadiah ako napr. *Streptococcaceae*, *Bifidobacteriaceae*, *Propionibacteriaceae*, *Brevibacteriaceae* a *Acetobacteraceae*.

Kľúčové slová: baktérie, grampozitívne baktérie, gramnegatívne baktérie, taxonómia, potravinárstvo

## **Pod'akovanie**

Moje pod'akovanie patrí vedúcej práce, prof. RNDr. Leone Buňkovej, PhD., za ochotu, pomoc, poskytnuté rady, čas a pripomienky pri vypracovaní bakalárskej práce.

# OBSAH

<b>ÚVOD.....</b>	<b>10</b>
<b>1 CHARAKTERISTIKA BAKTÉRIÍ .....</b>	<b>11</b>
1.1 VÝSKYT BAKTÉRIÍ.....	11
1.2 ROZDELENIE BAKTÉRIÍ PODĽA FYZIOLOGICKÝCH VLASTNOSTÍ.....	11
1.3 STAVBA BUNKY BAKTÉRIÍ .....	12
<b>2 TAXONÓMIA V MIKROBIOLÓGII S DÔRAZOM NA BAKTÉRIE .....</b>	<b>13</b>
2.1 TAXONÓMIA BAKTÉRIÍ .....	13
2.1.1 Zarad'ovanie baktérií do taxonomického systému .....	13
2.1.2 Numerická taxonómia .....	15
2.1.3 Sérologické metódy v taxonómii.....	15
2.1.4 Chemotaxonómia .....	15
2.1.5 Fyzikálne metódy v taxonómii.....	15
2.2 KLASIFIKÁCIA BAKTÉRIÍ.....	16
2.3 IDENTIFIKÁCIA BAKTÉRIÍ.....	17
2.4 METÓDY IDENTIFIKÁCIE MIKROORGANIZMOV (BAKTÉRIÍ) IZOLOVANÝCH Z POTRAVIN .....	18
2.4.1 Metódy kultivačne závislé.....	18
2.4.2 Metódy kultivačne nezávislé.....	21
2.5 NOMENKLATÚRA BAKTÉRIÍ .....	24
<b>3 BAKTÉRIE VÝZNAMNÉ V POTRAVINÁRSTVE.....</b>	<b>26</b>
3.1 BAKTÉRIE TECHNOLOGICKY ŽIADUCE V POTRAVINÁRSTVE.....	26
3.2 BAKTÉRIE TECHNOLOGICKY NEŽIADUCE.....	27
3.3 AERÓBNE ALEBO MIKROAEROFILNÉ G- BAKTÉRIE.....	27
3.4 G- AERÓBNE TYČINKY A KOKY .....	28
3.5 G- FAKULTATÍVNE ANAERÓBNE TYČINKY .....	29
3.6 G+ KOKY.....	30
3.7 SPOROTVORNÉ TYČINKY A KOKY .....	32
3.8 PRAVIDELNÉ NESPORULUJÚCE G+ TYČINKY .....	33
3.9 NEPRAVIDELNÉ NESPORULUJÚCE G+ TYČINKY .....	35
<b>4 ZMENY V TAXONÓMII POTRAVINÁRSKY VÝZNAMNÝCH G+ A G- BAKTÉRIÍ .....</b>	<b>36</b>
4.1 SKUPINY OKOLO RODU <i>CLOSTRIDIUM</i> .....	36
4.2 SKUPINY OKOLO RODU <i>BACILLUS</i> .....	38
4.3 ČEĽAĎ ENTEROBACTERIACEAE.....	39
4.4 BAKTÉRIE MLIEČNEHO KVASENIA .....	41
4.5 ROD <i>ARCOBACTER</i> .....	46



<b>ZÁVER .....</b>	<b>49</b>
<b>ZOZNAM POUŽITEJ LITERATÚRY .....</b>	<b>50</b>
<b>ZOZNAM POUŽITÝCH SYMBOLOV A SKRATIEK.....</b>	<b>70</b>
<b>ZOZNAM TABULIEK .....</b>	<b>71</b>

## ÚVOD

Mikroorganizmy, konkrétne baktérie, sú živé organizmy, ktoré sú tvorené jednou prokaryotickou bunkou, tvoria približne polovicu živej hmoty na Zemi, patria k najjednoduchším formám života a zároveň aj k najstarším formám života, ktoré boli nájdené vo forme fosílii, a to už v starohorách (Smolinská, 2017). Baktériami sa zaoberá aj samostatná vedná disciplína, a to bakteriológia, o ktorej vznik sa zaslúžili hlavne Louis Pasteur a Robert Koch. Baktérie dokážu prežiť aj v extrémnych podmienkach a nachádzajú sa všade okolo nás – najväčšie zastúpenie majú v pôde a vo vodnom prostredí, osídľujú aj telá iných organizmov – rastlín, živočíchov a ľudí, no nájdeme ich aj vo vzduchu a v potravinách.

V súčasnosti je známych viac ako 20 000 druhov baktérií, ktoré sú usporiadané do rôznych čeľadí a rodov. V minulosti sa toto usporiadanie mnohokrát zmenilo a zmeny v usporiadaní, čiže v taxonómii prebiehajú neustále, nakoľko poznatky o baktériách stále pribúdajú a tiež bývajú často popisované a objavované nové druhy alebo kmene baktérií.

Predkladaná bakalárska práca sa preto zameriava na zmeny v taxonómii potravinársky významných grampozitívnych a gramnegatívnych baktérií – venuje sa hlavne baktériám z rodov *Clostridium*, *Bacillus*, *Escherichia*, *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Klebsiella*, *Proteus*, *Salmonella*, *Arcobacter* a *Arcobacter*-like druhom, baktériám mliečneho kvasenia a ďalším významným rodom.

Pre túto tému sme sa rozhodli z dôvodu, že mnohí ľudia si pod pojmom „baktérie“ predstavujú niečo negatívne, škodlivé a neprospešné. No tak, ako nič v živote, nie je len čierne alebo len biele, tak je to aj s baktériami, ktoré pre človeka nepredstavujú len hrozbu a patogénne mikroorganizmy, ale sú v mnohých smeroch prospešné a užitočné a svoje uplatnenie nachádzajú hlavne v potravinárstve, farmaceutickom priemysle, biotechnológiách alebo genetike. Téma tejto bakalárskej práce je stále aktuálna, a to z dôvodu, že zmeny v taxonómii baktérií sa dejú veľmi často a niektoré zmeny, ako aj na úlohu baktérií (v pozitívnom a aj v negatívnom zmysle) sa budeme snažiť v tejto práci poukázať.

## 1 CHARAKTERISTIKA BAKTÉRIÍ

Baktérie, ktoré sa nachádzajú všade na Zemi, patria k najjednoduchším formám živej hmoty a tvoria určité jednotky, ktoré sa odlišujú od neživej prírody a od iných organizmov. U baktérií je možné pozorovať všetky základné prejavy a známky života, ako napr. látková premena, dráždivosť, vývoj, rast, rozmnožovanie, dedičnosť a premenlivosť (Smolinská, 2017).

### 1.1 Výskyt baktérií

Prirodzeným prostredím pre baktérie je voda, pôda, povrch tela a sliznice živočíchov, môžu sa vyskytovať aj vo vzduchu, a to buď samostatne alebo unášané vetrom či čiastočkami prachu. Niektoré baktérie sú schopné žiť aj v extrémnych fyzikálnych a chemických podmienkach, ako napr. v hĺbinách oceánov, kde musia odolávať vysokému tlaku, v horúcich plameňoch, v Mŕtvom mori, kde je vysoká koncentrácia solí alebo v žalúdočnej šťave, ktorá sa vyznačuje vysokou kyslosťou (Schindler, 2008).

### 1.2 Rozdelenie baktérií podľa fyziologických vlastností

Po fyziologickej stránke sú baktérie veľmi rozmanité a z hľadiska nároku na výživu, kyslík a spôsob získavania energie sa dajú rozdeliť do viacerých skupín.

#### 1. Podľa nároku na výživu:

- a) Autotrofné – týmto baktériám stačia na výživu len anorganické zlúčeniny a sú schopné syntetizovať všetky zložky svojej bunkovej hmoty z anorganických zlúčenín. Niektoré z nich získavajú energiu oxidáciou anorganických zlúčenín a iné využívajú svetelnú.
- b) Heterotrofné – väčšina baktérií je heterotrofná a znamená to, že vyžadujú prítomnosť organických zlúčenín v živnom prostredí, ako zdroj uhlíka, vodíka alebo energie.

#### 2. Podľa nároku na kyslík:

- a) Aeróbne – tieto baktérie vyžadujú vzdušný kyslík (napr. octové baktérie).
- b) Anaeróbne – nevyžadujú voľný kyslík a vzdušný kyslík pôsobí na ne inhibične alebo toxicky (napr. baktérie z rodu *Clostridium*).
- c) Mikroaerofilné – majú anaeróbny metabolizmus, avšak nízke koncentrácie kyslíka urýchľujú ich rozmnožovanie (napr. baktérie z rodu *Lactobacillus*).
- d) Fakultatívne anaeróbne – tieto baktérie majú schopnosť aeróbného aj anaeróbného metabolizmu, čiže môžu rásť za prítomnosti aj neprítomnosti vzdušného kyslíka

### 3. Podľa spôsobu získavania energie

- a) Fototrofné baktérie – ich zdrojom energie je premena svetelnej energie na energiu chemickú.
- b) Chemotrofné baktérie – získavajú energiu oxidáciou chemických zlúčenín. Môže ísť o oxidáciu anorganických zlúčenín alebo o oxidáciu organických zlúčenín (to je typické pre väčšinu baktérií) (Betina, 1977, Michalková, 2016).

## 1.3 Stavba bunky baktérií

Baktérie sú jednobunkové prokaryotické organizmy. Od zložitejšej eukaryotickej bunky sa ich bunka odlišuje organizáciou bunkového jadra, neprítomnosťou bunkových organel a vlastnosťami ribozómov. Bunka baktérií tak, ako každá živá hmota, je tvorená vodou, ktorá tvorí 75 – 85 % bunky baktérie, a to v závislosti od druhu a zbytok tvorí sušina, v ktorej je zastúpených 6 hlavných biogénnych prvkov – C, O, N, H, P a S (Petrovičová, Šimkovičová, 2004).

Veľkosť baktérií býva rádovo niekoľko tisícín milimetrov, najmenšie dosahujú veľkosť približne 0,1 – 0,2  $\mu\text{m}$  a väčšie dosahujú veľkosť až okolo 10  $\mu\text{m}$ . Vyskytujú sa v troch základných tvaroch: okrúhle (tento tvar je charakteristický pre koky), podlhovasté paličky (typické pre bacily) a špirálovité paličky (typické pre spirily) (Postgate, 1982; Veterány, 2005).

Medzi základné bunkové štruktúry patria (Kačániová, Hleba, 2011):

nukleoid	mezozómy
cytoplazma	bunková stena
inklúzie	puzdro alebo tiež kapsula
ribozómy	bičíky
cytoplazmatická membrána	spóry

## 2 TAXONÓMIA V MIKROBIOLÓGII S DÔRAZOM NA BAKTÉRIE

Vo všeobecnosti je taxonómia biologická veda a zároveň je to vedný odbor, ktorého cieľom je charakterizovať, triediť a klasifikovať organizmy do určitého usporiadaného systému podľa ich vlastností. Taxonómiu reprezentujú tri hlavné oblasti a tými sú: klasifikácia, nomenklatúra a identifikácia (Smolinská, 2017).

Taxonómia sa zaoberá sa popisom vytriedených objektov, metodikou triedenia, kontrolou a vyhodnotením správnosti tejto metodiky a tiež aj heuristickými metódami klasifikácie. Dá sa povedať, že taxonómia je teóriou klasifikácie (Schindler, 1984).

### 2.1 Taxonómia baktérií

Baktérie sa do taxonomického systému, alebo taxónov, zaraďujú na základe podobných morfológických, metabolických, fyziologických, genetických, ekologických a molekulových znakov. Počas rozvoja poznatkov sa kritéria pre zaradenie do taxónov menili a ani v súčasnosti pre zaraďovanie nie je jednotný názor, pretože zaradenie do biologických druhov podľa voľnej kombinovateľnosti genetického materiálu medzi príslušníkmi jedného druhu (toto je bežné v prípade eukaryotických organizmov so sexuálnym spôsobom rozmnožovania) sa u baktérií uplatniť nemôže, pretože baktérie sa rozmnožujú asexuálne – delením. Problémy pri klasifikácii baktérií spôsobuje aj dosť veľká spontánna premenlivosť fyziologických, genetických, štruktúrnych a morfológických vlastností (Haľama, 1967).

#### 2.1.1 Zaraďovanie baktérií do taxonomického systému

V taxonómii baktérií, ktorých je v súčasnosti známych viac ako 20 000 druhov, sa používa niekoľko úrovní klasifikácie založených na hierarchickom usporiadaní, kde najvyššie postavenie má doména a následne iné nižšie taxóny ako kmeň, trieda, rad, čeľaď, rod, druh a poddruh (Betina, 1977, Šilhánková, 1983).

Základná jednotka ekológie a teda aj bakteriálnej taxonómie je druh, ktorý sa definuje ako skupina organizmov navzájom príbuzných kmeňov schopných krížiť sa a dávať životaschopné a plodné potomstvo (Pančík, 2016).

Jeden kmeň daného druhu sa označuje ako typový kmeň a ten nesie druhové meno baktérie pozostávajúce z dvojslovných latinských názvov, ktoré sa uvádzajú kurzívou a zároveň je aj kmeňom referenčným. Názvoslovie každého druhu je binárne, čiže dvojslovné a toto

zaviedol v 18. storočí Carl Linné – prvé meno je písané veľkým písmenom po latinsky a toto meno udáva rodové určenie a druhé meno je druhový názov, a to sa píše malým písmenom a celý názov mikroorganizmu sa píše kurzívou. (Petrovičová, 2004, Smolinská, 2017, Šilhánková, 1983).

V definícii druhov sa v mnohých prípadoch vyskytujú nejasnosti a preto sa upresňuje druhové vymedzenie pomocou pojmov ako sú *nomospecies*, čo znamená druh síce pomenovaný, ale nejasného obsahu, *genomospecies* označujúci druh definovaný hlavne genetickými vlastnosťami, charakterom DNA a schopnosťou genetickej interakcie s príbuznými druhmi a pojmom *taxospecies*, ktorý znamená druh definovaný metódou numerickej taxonómie (Schindler, 1984; Veterány, 2005).

Ako kmeň sa označuje súbor buniek určitého druhu a rovnakého pôvodu – môže ísť o zbierkový kmeň alebo o kmeň izolovaný z prírody alebo iného prostredia, prípadne získaný pôsobením mutagénneho prostriedku. Kmeň sa označuje písmenami a číslami, ktoré mu dal pracovník, keď ho získal, alebo značkou zbierky mikroorganizmov a číslom, pod ktorým je v tejto zbierke uchovaný, napr. *E. coli* K-12 a ten sa používa na štúdium spájania buniek u bakteriálneho druhu *E. coli* (Šilhánková, 2008).

Druhy môžu byť rozdelené do poddruhových jednotiek, ktoré sú vytvorené na základe fenotypovo stálych odlišností v rámci druhu. Poddruh je oficiálna taxonomická jednotka, ktorá označuje geneticky príbuzné organizmy s vysokou DNA homológiou v rámci daného druhu, ktoré sú ale odlišné fenotypom od iných kmeňov v rámci daného druhu a kedysi sa pokladali za samostatné druhy. Delenia na nižšej úrovni ako je poddruh nemajú oficiálne postavenie v taxonómii. V praxi sa často používajú termíny biovar, sérovar, fagovar, patovar a morfovar. Biovar (biotyp) je skupina baktérií taxonomicky nižšia ako druh, odlišiteľná od iných skupín daného druhu na základe fyziologických vlastností pomocou biochemických metód, sérovar (sérotyp), je skupina organizmov, hlavne baktérií, ktorá je taxonomicky nižšia ako druh, odlišiteľná od iných skupín daného druhu na základe sérologického vyšetrenia a skupina týchto druhov má charakteristickú antigénnu štruktúru, fagovar (fagotyp) je skupina baktérií taxonomicky nižšia ako druh a táto skupina má rovnakú citlivosť voči nejakému fágovi, t. j. schopnosť byť hositeľom pre nejakého bakteriofága, patovar (patotyp), je skupina baktérií taxonomicky nižšia ako druh s rovnakými patogénnymi vlastnosťami pre určitého hositeľa a morfovar (morfotyp), je skupina baktérií taxonomicky nižšia ako druh so špecifickými morfológickými vlastnosťami (Smolinská, 2017, Šilhánková, 1983).

### 2.1.2 Numerická taxonómia

Numerická taxonómia je jednou z klasifikačných metód, ktorej princíp spočíva v zistení veľkého množstva morfológických a fyziologických vlastností u sledovaných kmeňov (najmenej 50) a v stanovení percenta podobnosti každého kmeňa s každým kmeňom sledovaného súboru. Toto percento sa vypočíta z pomeru počtu spoločných znakov k počtu všetkých sledovaných znakov. Numerická taxonómia vychádza zo základného predpokladu, že ak sú fenotypické znaky rovnako významné, tak by bolo možné numericky vyjadriť taxonomické vzdialenosti medzi organizmami počtom znakov, ktoré majú spoločné k celkovému počtu analyzovaných znakov. Jedince definované súborom týchto znakov sa môžu porovnávať pomocou matematicko-štatistických metód a výsledky analýz sa vyjadrujú v tabuľkách podobnosti (Smolinská, 2017).

### 2.1.3 Sérologické metódy v taxonómii

Sérologické metódy využívajú vlastnosť bunkovej steny, bičíkov alebo kapsúl baktérií chovať sa ako antigén, ktorý je schopný vyvolať produkciu protilátok. Medzi sérologické techniky patrí aglutinácia, precipitácia, komplement-fixačná reakcia, imunofluorescencia, prípadne ďalšie metódy, ako napr. ELISA, RIA alebo FISH (Smolinská, 2017).

### 2.1.4 Chemotaxonómia

Rozvoj molekulárnej biológie umožnil nové spôsoby charakterizovania organizmov, ktoré je vo veľkej miere možné využívať aj v taxonómii mikroorganizmov a teda aj baktérií. Chemotaxonómia zahŕňa metódy na stanovenie stanoviteľných chemických znakov, znakov na molekulovej úrovni. Umožňuje analyzovať obsah chemických látok v mikroorganizmoch (a to obsah bielkovín, aminokyselín, enzýmov, sacharidov, lipidov a nukleových kyselín). Využíva metódy analytickej chémie, ako sú chromatografia a hmotnostná spektrometria a tieto metódy sú zamerané na analýzu chemického zloženia bunkovej steny, zloženie lipidov, štúdium cytochrómov, štúdium sekvencie aminokyselín v bielkovinách (Hao, 2015).

### 2.1.5 Fyzikálne metódy v taxonómii

Fyzikálne metódy sa využívajú v pokusoch o hybridizáciu DNA, pomocou nich sa dá dokázať príbuznosť alebo odlišnosť biologických druhov, z ktorých DNA pochádza. Princípom týchto metód je, že sa pracuje s referenčnou DNA a aj s pokusnou DNA, pričom obe DNA sa oddelene rozštiepia na svoje jednoduché zvitnice, potom sa dajú dohromady

a podmienky sa upravujú tak, aby mohlo nastať opätovné spojenie jednoduchých závitníc do dvojitého závitníc DNA. Čím podobnejšie je zloženie oboch DNA v zastúpení aj v poradí báz, tak tým lepšie budú ich oddelené jednoduché závitnice hybridizovať, t.j. závitnica z referenčnej DNA sa bude spájať vodíkovými mostíkmi s komplementárnou závitnicou z pokusnej DNA a tým vznikne hybridná dvojité závitnica (Kačániová a Hleba, 2019).

## 2.2 Klasifikácia baktérií

Klasifikácia je proces usporadúvania organizmov do taxonomických skupín na základe ich podobnosti a príbuznosti s cieľom poskytnúť jednoduchú identifikáciu organizmu. Charakteristickou črtou súčasnej klasifikácie je prelínanie dvoch prístupov – tradičného a moderného. Tradičná klasifikácia baktérií sa zakladá na analýze fenotypových znakov a má kľúčový význam v identifikácii, a to hlavne pre klinickú diagnostiku. Fenotypové charakteristiky zahŕňajú spektrum morfológických, chemických, biochemických, fyziologických a ďalších kategórií znakov. Na druhej strane, moderná klasifikácia vychádza z analýzy genotypových znakov metódami molekulárnej biológie (napr. PCR techniky, restriktívne analýzy, sekvenácie a hybridizácie) a jej prednosťami sú citlivosť, špecifickosť, reprodukovateľnosť a rýchlosť, a preto má stále väčší a väčší význam v diagnostickej praxi. Venuje sa identifikácii a pokiaľ je možné, tak úplnému popisu jednotlivých druhov živých organizmov a ich katalogizovaniu, t. j. usporiadaniu do skupín podľa pôvodu a príbuznosti. Toto usporiadanie (systematika) potom pomáha pri určovaní jednotlivých druhov, izolovaných novo z nejakého prostredia (Schindler, 2008; Šilhánková, 2008).

Predpokladom klasifikácie baktérií je poznanie ich morfológických, biochemických, fyziologických, chemických, molekulárno-biologických a genetických vlastností. Pri klasifikácii sa v súčasnosti najčastejšie využíva sekvenácia DNA a genotypové znaky (napr. obsah guanínu a cytozínu, hybridizácia DNA-DNA, ribotypizácia a veľkosť genómu), avšak je možné využiť aj morfológické vlastnosti bakteriálnej bunky (napr. veľkosť, tvar, usporiadanie, štruktúra, pohyblivosť, farbitelnosť a dôkaz inklúzií), fyziologické charakteristiky (napr. teplota, požiadavky kultivácie, rastové faktory, biochemické reakcie alebo vzhľad kolónií) (Smolinská, 2017).

Baktérie sa môžu triediť aj podľa iných kritérií, napr. podľa chemického zloženia bunkovej steny, mastných kyselín, veľkosti bielkovín a ich náboja, alebo podľa podobnosti RNA v ribozómoch a podľa celkového obsahu báz v DNA a často sa využíva kombinácia týchto kritérií, a to sa označuje ako viacfázová klasifikácia. Klasifikácia baktérií nie je pevne daná



a tvorí hierarchický systém a ten je výsledkom okamžitého stavu sveta baktérií, pretože niektoré znaky baktérií sa v čase menia. Tiež je obrazom prístupu, úvahy a interpretácie, ktoré vytvára človek a dá sa povedať, že je založená na konsenze odborníkov, ktorí sa jej venujú. Existujú dve chápania klasifikácie, a tými sú: teoretická klasifikácia, ktorá sa snaží klasifikovať čo najpresnejší systém, a klasifikácia pragmatická, ktorá je všeobecne zrozumiteľná a potrebná pre prax - pre medicínu, mikrobiológiu, biotechnológiu a priemysel. Klasifikácia postupuje v etapách, ktoré sú charakterizované voľbou objektov, znakov a metód spracovania (Schindler, 2008).

Výber skupiny baktérií je daný zámerom toho, kto realizuje klasifikáciu. Zvyčajne sa klasifikujú kmene známych druhov za účelom revízie doterajšej klasifikácie alebo sa klasifikuje neznáma skupina kmeňov, o ktorých je potrebné získať informácie o možnom príbuzenstve a v takom prípade sa do súboru zaraďujú referenčné kmene druhov, u ktorých sa predpokladá príbuznosť. Počet kmeňov nie je obmedzený a optimálny počet býva daný dostupnosťou kmeňov, laboratórnymi možnosťami a požiadavkami na výslednú informáciu a tento počet býva spravidla od 50 do 200 kmeňov. Kmene, ktoré sú zaradené do klasifikovaného súboru, sa zbierajú podľa zámeru – buď je súbor tvorený kmeňmi, o ktorých sa hypoteticky predpokladá, že patria do jednej skupiny, a v tomto prípade nemusia mať kmene úplne identické vlastnosti, alebo sa spracovávajú kmene s predpokladanou príslušnosťou do rôznych známych skupín a vhodné je vybrať také kmene, ktoré sa podobajú predpokladaným zástupcom skupín a toto sú dve základné zásady výberu kmeňov (Schindler, 2008).

### **2.3 Identifikácia baktérií**

Z klasifikácie vychádza ďalšia činnosť a tou je identifikácia, čiže praktická aplikácia klasifikácie a nomenklatúry, ktorej cieľom je zaradiť izolát k jednému už stanovenému a pomenovanému taxónu. Rovnakým pojmom ako identifikácia je aj diagnostika, čo je rozpoznanie neznámeho bakteriálneho kmeňa vo vzťahu k známym triedam – druhom alebo rodom (Schindler, 1984).

Identifikácia baktérií sa zväčša uskutočňuje mikroskopiou, kultiváciou, izoláciou a následnou identifikáciou. Bakteriálny druh sa dá určiť aj biochemickou diagnostikou, genetickou analýzou alebo analýzou založenej na hmotnostnej spektrometrii (Smolinská, 2017).

Práca s určovaním druhov baktérií je veľmi zložitá a preto sa niekedy stáva, že determinácia sa obmedzí len na určenie fyziologickej skupiny, do ktorej vyšetovaná baktéria patrí. Znaky, ktoré sa využívajú pri určovaní druhu baktérií môžu byť morfologické, jako napr. tvar bunky a jej rozmery, schopnosť pohybu a charakter obrvenia alebo schopnosť sporulácie. Okrem toho sa používajú aj kultivačné znaky, napr. charakter rastu v mäsopeptónovom bujóne, charakter rastu na mäsopeptónovom agare, vzhľad okraja kolónie a jej štruktúra alebo farba kolónie a jej konzistencia (Hampl, 1968).

Z fyziologických a biochemických znakov sa využívajú hlavne vzťah baktérií k rozličným zdrojom uhlíka, vzťah k rozličným zdrojom dusíka, vzťah k molekulárnemu kyslíku, povaha produktov látkovej premeny nahromadených v živnom substráte alebo denitrifikačná aktivita. Pri určovaní bakteriálneho druhu majú v súčasnosti dôležité postavenie a význam nové metódy, ako napr. hmotnostná spektrometria, molekulárne metódy – PCR a rôzne jej modifikácie, bioinformatické metódy – napr. Sangerovo sekvenovanie a sekvenovanie novej generácie a tiež aj metóda DNA mikročipov (Pastoráková a Petrovič, 2016).

Znak, ktorý je u všetkých kmeňov prítomný alebo neprítomný, je pre klasifikáciu bezvýznamný, pretože neposkytuje žiadnu informáciu. V praxi je potrebné, aby sa na klasifikáciu používali také znaky, ktoré sa dajú kedykoľvek použiť aj v identifikácii a týchto znakov by nemalo byť menej ako 50 a zároveň ani nie viac ako 200. (Schindler, 1984).

## **2.4 Metódy identifikácie mikroorganizmov (baktérií) izolovaných z potravín**

Metódy využívané pri identifikácii mikroorganizmov izolovaných z potravín sa dajú rozdeliť na metódy kultivačne závislé a na metódy kultivačne nezávislé a tie zahŕňajú aj novodobé molekulárne metódy (Kupila, 2003).

### **2.4.1 Metódy kultivačne závislé**

Metódy kultivačne závislé sú založené na hodnotení morfológie kolónií, na základných a selektívnych agaroch s potvrdením alebo vylúčením prítomnosti suspektných baktérií. Ak sú na agaroch prítomné suspektné kolónie, tak sa ďalej stanovuje enzymatická aktivita rýchlymi testami, ktorými sa dá zistiť napr. tvorba katalázy alebo oxidázy. Štandardom priamej detekcie mikroorganizmov v potravinárskej mikrobiologickej praxi je ich kultivácia a získanie čistej kultúry. Nasleduje identifikácia pomocou testov založených

na fenotypovom prejave mikroorganizmov a to: biochemické testy, určenie proteínového profilu, profilu mastných kyselín alebo antigénna analýza. Tieto identifikačné postupy vyžadujú ako vstupný materiál čistý izolát mikroorganizmu. Pri manipulácii so vzorkou a následnej kultivácii musí byť zachovaná životaschopnosť mikroorganizmov a je nutné zvoliť adekvátnu kultivačnú pôdu a tiež vhodné kultivačné podmienky a zároveň je potrebné brať v úvahu aj antimikrobiálnu rezistenciu a nutričnú náročnosť niektorých patogénov (Colwell, 2000; Kupila, 2003; Fenollar, 2006).

### ***Klasické kultivačné metódy***

Princípom kultivačných metód je pomnoženie prítomnej mikrobioty na vhodných kultivačných pôdach za vhodných podmienok do množstva spôsobiaceho makroskopicky viditeľné prejavy. Potom sa pozoruje fenotypový prejav vyrastených kolónií podľa rôznych kategórií – napr. veľkosť, tvar, povrch, profil, okraje, konzistencia, farba a zápach. Je možné použiť rôzne kultivačné média a to buď základné kultivačné pôdy, selektívne kultivačné pôdy (tie zvyhodňujú rast určitej cieľovej skupiny mikroorganizmov) alebo diagnostické kultivačné pôdy (tie identifikujú mikroorganizmy zviditeľnením určitej biochemickej vlastnosti). Tieto metódy sú citlivé a špecifické, no väčšinou pomalé, pretože kultivácia môže trvať aj niekoľko dní. Delia sa na kultivačné metódy kvantitatívne, ktoré určujú počet mikroorganizmov vo vzorke, a to pomocou určenia počtu KTJ – kolónie tvoriacich jednotiek, a na kultivačné metódy kvalitatívne, ktoré len detegujú prítomnosť alebo neprítomnosť mikroorganizmov vo vzorke a je pri nich potrebná kultivácia na selektívno-diagnostickom agarovom médiu a výsledkom je získanie jednotlivých, dobre izolovaných kolónií mikroorganizmu, ktoré vykazujú niektoré jeho typické vlastnosti (morfologické, biochemické, sérologické), a ktoré poskytujú materiál z kolónií k identifikačným testom separáciou (Kaliňáková a kol., 2019).

### ***Mikroskopické metódy***

Výhodou mikroskopického stanovenia baktérií je, že je lacné a rýchle a zachytáva baktérie, ktoré nevyrastú na kultivačnej pôde, no toto stanovenie má nižšiu citlivosť ako kultivácia. Mikroskopické hodnotenie okrem klasických metód, ktoré využívajú svetelnú mikroskopiu, využíva aj modernejšie metódy ako fluorescenčná alebo elektrónová mikroskopia. V mikrobiológii potravín sa najčastejšie využíva metóda priamej epifluorescenčnej filtračnej techniky a metóda prietokovej cytometrie a obe sú založené na kombinácii optických metód s farbením MO pomocou fluorescenčných farbív (Tančinová, 2017).

Medzi mikroskopické metódy sa radí aj metóda s použitím farbenia podľa Grama, ktorá umožňuje rozdeliť baktérie na G+ a G- na základe odlišnosti bunkových stien (Betina, 1977).

### ***Hmotnostná spektrometria MALDI – TOF***

Hmotnostná spektrometria MALDI-TOF pomáha identifikovať mikroorganizmy veľmi presne. Využíva sa na identifikáciu širokého spektra mikroorganizmov, a v porovnaní s tradičnými metódami používanými na identifikáciu mikroorganizmov, je rýchla a výsledky je možné získať priebehu niekoľkých minút. Pomocou nej je možné rozlíšiť baktérie alebo iné mikroorganizmy na rodovej, druhovej alebo kmeňovej úrovni a pri identifikácii dochádza k analýze ribozomálnych a iných bunkových proteínov. Identifikácia mikroorganizmov je založená na porovnávaní proteínového spektra izolátov so spektrami referenčných kmeňov, ktoré sú v databáze MALDI Biotyper. Spoľahlivosť identifikácie je vyjadrená ako log (score) a ak je táto hodnota vyššia ako 2,3 znamená to, že ide o vysokú pravdepodobnosť identifikácie na úrovni druhu, ak je hodnota v rozmedzí od 2,3-2,0, tak ide o vysokú pravdepodobnosť identifikácie na úrovni rodu a pravdepodobnú identifikáciu na úrovni druhu a ak je táto hodnota v rozmedzí od 2,0-1,7 majú kmene pravdepodobnú identifikáciu na úrovni rodu. Výsledky s hodnotami pod 1,7 nie sú významné (Bursová a kol., 2014).

### ***ELISA metóda***

Enzyme-Linked Immuno Sorbent Assay (ELISA) metóda, ktorá sa označuje aj ako EIA, teda Enzyme Immunoassay je jednou z najviac používaných analytických metód využívaných na detekciu protilátok a antigénov vo vzorkách, na ich kvantitatívne stanovenie. Je založená na vysoko špecifickej väzbovej reakcii medzi antigénom a protilátkou. Protilátky majú dve dôležité vlastnosti a tými sú schopnosť väzby imunoglobulínov na povrch niektorých plastov a majú aj schopnosť viazať na svoj povrch pomocou Fc-fragmentov enzýmy (najčastejšie ide o peroxidázu alebo alkalickú fosfatázu). Enzým (pridáva sa do reakčnej zmesi) katalyzuje chemickú premenu substrátu na produkt a ten je farebný a potom sa stanovuje spektrofotometricky alebo fluorimetrickým stanovením. Koncentrácia produktu je priamo úmerná koncentrácii antigénu alebo protilátky vo vzorke. Na ELISA testy sa používajú špeciálne polystyrénové 96-jamkové mikrotitračné, ELISA doštičky, na ktorých povrch sa dá ľahko imobilizovať reagentia (Wu, 2019; Vydrová 2004).

Priama ELISA sa využíva na kvantitatívnu detekciu antigénu, kedy sú do jamiek najprv naviazané protilátky, potom sa pridá známe množstvo antigénu a známe množstvo

enzymaticky označeného antigénu a oba tieto komponenty súťažia o väzobné miesto protilátky. Nakoniec sa pridá substrát a ten zabezpečí farebnú reakciu, ktorej intenzita sa meria spektrofotometricky (Ferenčík, 1989).

Nepriama ELISA sa využíva na detekciu špecifických protilátok. Komplex antigén a protilátka sa inkubujú antiglobulínom a sú imobilizované na tuhej fáze. Antiglobulín je enzýmovo označený. Pridáva sa chromogénový substrát a tým dochádza k viditeľnej farebnej reakcii a táto sa meria fotometricky (Vydrová, 2004).

Pri sendvičovej ELISA metóde sa najprv naviaže v jamke protilátka a následne sa pridáva antigén a potom dochádza k naviazaniu enzymaticky označenej protilátky, ktorá je pre daný antigén špecifická. Nakoniec sa pridá substrát, ktorý sa naviaže na enzým a tým dochádza k farebnej reakcii, ktorá sa meria spektrofotometricky (Wu, 2019).

#### **2.4.2 Metódy kultivačne nezávislé**

Medzi metódy kultivačne nezávislé sa zaraďujú molekulárne metódy, ktoré sa rozdeľujú na priame – tie stanovujú sekvencie nukleových kyselín priamo, napr. Sangerovo sekvenovanie, a na nepriame, ktoré umožňujú identifikáciu alebo optimalizáciu mikroorganizmu, resp. mikrobiálnej populácie na základe vytvorenia určitého spektra (napr. spektrum reštrikčných fragmentov). Najčastejšie využívanou molekulárnou metódou v mikrobiológii je polymerázová reťazová reakcia (PCR), ktorá je založená na princípe *in vitro* syntézy nukleových kyselín (Colwell, 2000; Kupila, 2003; Fenollar, 2006).

#### ***Polymerázová reťazová reakcia***

PCR reakcia je vysoko citlivá a rýchla metóda často využívaná v mikrobiológii potravín, no okrem toho napr. aj v genetike, prenatalnej diagnostike a v kriminalistike. Jej podstatou je cyklicky sa opakujúca syntéza vybraného úseku DNA v smere 5'-3'. K denaturovanej DNA sa začínajú pripájať priméry, ktoré sú začiatkom syntézy nového reťazca DNA katalyzovaného DNA polymerázou a toto opakovanie cyklov PCR zabezpečuje exponenciálny nárast približne  $10^9$  kópií daného úseku DNA asi v 30 cykloch (Pastoráková a Petrovič, 2016).

V priebehu PCR sa striedajú opakovane 3 kroky: denaturácia, annealing a elongácia. Výsledným produktom PCR sú amplikóny, úseky DNA s definovanou dĺžkou a s veľkosťou desiatky až tisíce párov báz (Bursová, 2014).

Pre identifikáciu mikroorganizmov v potravinách sa využívajú rôzne modifikácie PCR metódy (Španová a Rittich, 2010).

Multiplexná PCR - princípom je pridávanie viacerých párov primérov do reakčnej zmesi, ktoré rozoznávajú rozličné cieľové sekvencie. Na základe toho sa dá v jednej reakčnej zmesi detegovať viacero génov súčasne (Šmarda, 2010).

Nested PCR - („zahniezdená“) PCR sa používa vtedy, ak je potrebné dosiahnuť viac PCR produktu a vtedy, ak je prítomné len malé množstvo templátovej DNA, ktorá je určená na amplifikáciu. Potom sa dá časť PCR produktu použiť ako templát pre ďalšiu PCR – ide o tzv. reamplifikáciu. Namnoženie DNA v prvej PCR sa niekedy dosiahne len vtedy, keď vzniknú aj nešpecifické produkty. Aby sa v druhej PCR reakcii amplifikovali len žiadúce, špecifické fragmenty, tak sa používa iný pár primerov. Táto modifikácia PCR slúži pre zvýšenie špecificity reakcie, kedy sa využívajú dva páry primerov – jeden pár vonkajších primerov a jeden pár vnútorných primerov. Vnútorné primery sa viažu na sekvenciu, ktorá je ohraničená vonkajšími primami. Najprv sa prevedie reakcia s vonkajšími párami primerov a vzniknutý produkt sa využije ako templát pre reakciu s vnútornými primami. Kombináciou dvoch párov primerov sa zvýši pravdepodobnosť amplifikácie špecifického úseku (Čikoš a kol., 2001).

Reverzne transkripčná PCR sa využíva na amplifikáciu a následnú detekciu veľmi malých množstiev mRNA. K amplifikácii dochádza len vtedy, ak je RNA prevedená na cDNA, teda komplementárnu DNA, kvôli tomu, že RNA nemôže byť matricou pre PCR reakciu. Na tento účel slúži retrovírová spätná transkriptáza, ktorá zabezpečuje prevod z RNA na komplementárnu DNA, ktorá sa následne amplifikuje pomocou dvoch špecifických primérov štandardným postupom (Šmarda, 2010).

PCR v reálnom čase – kvantitatívna alebo qPCR - táto modifikácia PCR sa využíva veľmi často, pretože umožňuje detegovať a kvantifikovať produkty PCR v reálnom čase a je citlivá a presná. Na určenie množstva PCR amplikónov sa využívajú fluorescenčné farbivá a prípadne sondy. Ak sa fluorescenčné farbivá väzú do DNA, tak je možné pozorovať výraznú fluorescenciu. Intenzita fluorescenčného signálu je snímaná a analyzuje sa špeciálnym systémom, v ktorom dochádza k PCR a výhodou je, že nemusí dôjsť k detekcii PCR produktu pomocou elektroforézy, ktorá trvá aj niekoľko hodín (Tančinová, 2017).

### *Sekvenovanie*

Táto metóda slúži na určenie poradia nukleotidov v DNA reťazci, teda určuje primárnu štruktúru DNA (Pastoráková a Petrovič, 2016).

Sangerovo sekvenovanie alebo sekvenovanie prvej generácie je enzymatická metóda, ktorá používa modifikované dideoxy-nukleotidy a vznikla v r. 1975 a stále bola zlepšovaná a viac automatizovaná. Pri polymerázou katalyzovanej syntéze komplementárnych vlákien v reakčnom roztoku obsahujúcom zmes štandardných nukleotidov a označených terminálnych nukleotidov vznikajú fragmenty DNA rozličnej dĺžky. Keď sa terminálne nukleotidy zabudujú do reťazca, tak ukončia ďalšie predlžovanie komplementárneho vlákna a nakoľko reakcia prebieha s veľkým množstvom rovných templátov súčasne, tak sa vytvoria všetky možné dĺžky fragmentov DNA. Sekvencia študovaného úseku sa určí zoradením týchto fragmentov podľa ich dĺžky a odčítaním fluorescenčného signálu z terminálneho nukleotidu. Metódy prvej generácie majú však aj nevýhody a tými sú časová, materiálna a pracovná náročnosť prípravy vzoriek a tiež aj obmedzené množstvo vzoriek, ktoré je možné analyzovať paralelne – v súčasnosti je možné analyzovať súčasne 384 sekvencií s dĺžkou 600 až 1000 nukleotidov (Gaplovský a Gaplovská-Kyselá, 2012).

V r. 2005 sa vyvinulo sekvenovanie druhej generácie a jeho podstatou je získavanie tisícov až miliónov sekvencií súčasne pomocou masívneho paralelného sekvenovania. Sekvenovanie pozostáva z troch základných procesov a tými sú príprava vzorky, vlastné určenie poradia báz v jednotlivých fragmentech a následné usporiadanie sekvencií získaných z týchto fragmentov. Hlavnými obmedzeniami metód druhej generácie sú náročný proces amplifikácie fragmentov a možné chyby určenia poradia báz (Pastoráková a Petrovič, 2016).

Najnovším je sekvenovanie tretej generácie alebo sekvenovanie novej generácie – NGS (Next generation sequencing) a označujú sa tak moderné metódy sekvenovania, ktoré využívajú bioinformatické metódy na spracovanie veľkého množstva sekvenačných dát a ich porovnanie s referenčným genómom. Pomocou sekvenovania novej generácie je možné sekvenovať dlhé úseky DNA, viac úsekov DNA z jednej vzorky, jeden úsek v mnohých opakovaných pre zvýšenie presnosti merania alebo viac podobných úsekov DNA z rôznych vzoriek. Pri tomto sekvenovaní sa dajú spracovať tisíce až milióny sekvencií súčasne. Medzi jednotlivými metódami NGS sú odlišnosti, avšak tieto metódy sú významné tým, že pred sekvenovaním nie je potrebné amplifikovať DNA pomocou PCR metódy, ale sekvencia sa získava zachytením signálu v reálnom čase. Medzi sekvenovanie tretej

generácie patrí SMRT (Single Molecule Real-Time Sequencing) a Nanopore Sequencing (Besser, 2018; Cao, 2017; Pastoráková a Petrovič, 2016).

### ***Fingerprintové metódy***

Tieto metódy umožňujú analyzovať mikroorganizmy a mikrobiálne komunity. Založené sú na analýze produktov PCR a sú to metódy, ktoré rýchlo umožňujú analyzovať viacero vzoriek naraz. Patria medzi ne napr. denaturačná gradientová gélová elektroforéza a teplotná gradientová gélová elektroforéza a ich podstatou je skúmanie rôznorodosti mikroorganizmov. Ich použitím sa porovnávajú mikrobiálne komunity, monitoruje sa dynamika mikrobiálnej populácie a skúma sa rozdielnosť populácií, ktoré sú metabolicky aktívne. Ďalšou fingerprintovou metódou je reštrikčná analýza amplifikovanej ribozomálnej DNA a jej podstatou je štiepenie amplifikovanej DNA a k štiepeniu dochádza prostredníctvom reštrikčnej endonukleázy a pomocou tejto metódy sa v závislosti od zmeny prostredia porovnáva rozdielnosť mikrobiálnych komunít (Šmarda, 2010).

### ***DNA mikročipy***

Jednou z najnovších metód pri identifikácii veľkého množstva neznámych sekvencií DNA je technológia DNA mikročipov. Mikročipy, ktoré sa používajú k identifikácii mikroorganizmov využívajú charakteristické krátke úseky nukleových kyselín. Uplatnenie majú aj pri identifikácii mikroorganizmov pochádzajúcich z potravín a životného prostredia. Ich hlavnou výhodou je schopnosť prekonať limitácie ostatných fingerprintových metód a to hlavne množstvo súčasne skúmaných vzoriek počas jednej analýzy (Čakajdová, 2013).

## **2.5 Nomenklatúra baktérií**

Priradovanie mien taxonomickým skupinám podľa medzinárodných pravidiel je nomenklatúra. Pravidlá nomenklatúry baktérií sú zadefinované v publikácii „International Code of Nomenclature of Bacteria“, čo v preklade znamená Medzinárodný kód bakteriálneho názvoslovía. Nové druhy baktérií sú uložené vo verejných zbierkach kultúr mikroorganizmov, napr. American Type Culture Collection, Česká sbírka mikroorganizmů alebo Japan Collection of Microorganisms a tieto zbierky chránia a konverzujú bakteriálnu diverzitu a genofond. Aby mohol byť každý novopopísaný mikroorganizmus uznaný ako nový druh, musia byť jeho charakteristika a vlastnosti publikované v taxonomickom časopise, ktorý je medzinárodne akceptovanou autoritou a ide o „International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology“ a až potom sa zaradí do periodicky



vydávanej publikácie bakteriálnych taxónov „Bergey´s Manual of Systematic Bacteriology“  
(Smolinská, 2017).

### 3 BAKTÉRIE VÝZNAMNÉ V POTRAVINÁRSTVE

Baktérií, ktoré sa uplatňujú v potravinárskom priemysle, je veľmi veľa. Mikroorganizmy a teda aj baktérie, ktoré bývajú prítomné v potravinách, sa dajú rozdeliť z technologického hľadiska na také, ktoré sú v potravinách žiaduce a využívajú sa ako výrobné prostriedky pri výrobe fermentovaných potravín (majú pozitívnu funkciu) a mikroorganizmy, ktoré sú v potravinách nežiaduce a podieľajú sa na kazení potravín a ich činnosťou môžu vzniknúť látky ohrozujúce zdravie človeka (majú negatívnu funkciu). Zo zdravotného hľadiska sa mikroorganizmy a aj baktérie dajú rozdeliť na potenciálne patogénne, patogénne a toxinogénne, pričom potraviny a voda môžu byť nosičom patogénnych mikroorganizmov zo zdroja nákazy na vnímavého jedinca (Tančinová, 2017).

#### 3.1 Baktérie technologicky žiaduce v potravinárstve

Popredné postavenie majú žiaduce mikroorganizmy v mliekarenstve a mäsovom priemysle. Význam čistých mliekarenských kultúr spočíva v tom, že po pridaní do suroviny vyvolajú a zaisťujú normálny priebeh technologického procesu a tým dôjde k dosiahnutiu žiaducej akosti hotového výrobku. Hlavnými funkciami čistých mliekarských kultúr sú kysacia, zrecia a dieteticko-liečebná funkcia. Patrí k nim jogurtová kultúra, do ktorej patria kmene *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* a *Streptococcus thermophilus*, kefirná kultúra, ktorá je zmesou bakteriálnej a kvasinkovej kultúry a tá je charakterizovaná kvasinkami *Kluyveromyces fragilis*, *Torulopsis kefir* a laktokokmi – *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*, *Lactococcus cremoris* a laktobacilmi – *Lactobacillus delbrueckii*, *Levilactobacillus brevis*, *Lactocaseibacillus casei* a *Lentilactobacillus kefiri*. Pri výrobe syrov sa uplatňujú hlavne mezofilné mikroorganizmy a to *Lactococcus lactis* a *L. cremoris*, termofilné kultúry – *Streptococcus thermophilus* a *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*. V syrárstve sa tiež využíva kultúra baktérie *Propionibacterium freudenreichii*, pretože tá v syroch dokáže vytvárať oká a pri výrobe syrov s mazom na povrchu sa využíva mazová kultúra *Brevibacterium brevis* (Dudříková a kol., 2014).

Štartovacie kultúry využívané v mäsovom priemysle sú vybrané mikrobiálne kmene, ktoré sa pridávajú do diela pre svoj pozitívny vplyv na okyslenie, farbu, chuť a arómu a dávkovanie musí zaručiť obsah  $10^7$  bakteriálnych buniek na 1 g diela (Feiner, 2008). Využívajú sa hlavne baktérie, ako napr. *Lactiplantibacillus plantarum*, *Pediococcus acidilactici*, *P. pentosaceus*, *Staphylococcus carnosus*, *S. xylosum* a tiež sa využívajú aj niektoré plesne z rodu *Penicillium* a kvasinky. Štartovacie mikrobiálne kultúry

obsahujúce baktérie mliečného kvasenia rodu *Lactobacillus* a ďalších mliečnych tyčínok, *Lactococcus*, *Streptococcus* tvoria kyselinu mliečnu, druhy rodu *Pediococcus* sa vyznačujú miernejšou tvorbou kyseliny a netoxigénne druhy rodu *Staphylococcus* a *Micrococcus* sú dusičnan redukujúce baktérie. Pri teplote 25 °C sa mikrobiálne kultúry zúčastňujú aj na tvorbe arómy zrených produktov (Görner a Valík, 2004).

### 3.2 Baktérie technologicky nežiaduce

Druhou skupinou baktérií sú také, ktoré majú negatívny účinok a ten sa odráža na kazení potravín a to napr. pri nežiaducom kysnutí, kvasení, plesnivení a hnití, ktoré je konkrétne u mäsa niekedy sprevádzané vývinom jedov (Görner a Valík, 2004).

Prevládajúcou mikrobiotou sa na povrchu mäsa v procese chladenia stávajú rôzne baktérie z čeľadí *Pseudomonadaceae* a *Enterobacteriaceae*. Baktérie rodu *Pseudomonas* majú schopnosť produkovať proteolytické enzýmy a môžu spôsobovať rozklad bielkovín a majú významný podiel na kazení potravín. Mnohé produkujú farbivá, ktoré sa môžu uvoľňovať do prostredia a tým zafarbovať potraviny, a niektoré druhy môžu v potravinách vyvolávať nežiaduce pachy. Majú silné proteolytické a lipolytické schopnosti, ktorými sa podieľajú na kazení mäsa, mäsových výrobkov, mlieka a tukov (Kalhotka, 2014). Baktérie z rodu *Enterococcus* môžu slúžiť ako indikátor fekálneho znečistenia a tiež zlej alebo nedostatočnej sanitácie, no na druhej strane majú dôležité postavenie pri vytváraní arómy počas zrenia syrov a sekundárne sa vyskytujú v mlieku a v mliečnych výrobkoch a v potravinách s vyšším obsahom soli (Dudříková a kol., 2014).

### 3.3 Aeróbne alebo mikroaerofilné G- baktérie

Do tejto skupiny sú zaradené G- baktérie špirálovitého alebo vibriovitého tvaru a patria sem baktérie, ktoré sa okrem potravín vyskytujú aj vo vode a pôde a niektoré baktérie z tejto skupiny sú významnými patogénmi. V potravinárstve je najvýznamnejší rod *Campylobacter*, pretože niektoré jeho druhy sú pre človeka patogénne, ako napr. *C. coli* a *C. jejuni*, pretože spôsobujú kampylobakteriózu a sú termofilné a málo odolné voči zahrievaniu a zmrazovaniu (Šilhánková, 2008).

### 3.4 G- aeróbne tyčinky a koky

#### **Rod *Pseudomonas* (rad *Pseudomonadales*, čeľaď *Pseudomonadaceae*)**

Zástupcovia tohoto rodu sa vedia dobre prispôbiť prostrediu a živinám, majú široké enzýmové vybavenie a významne sa podieľajú na kazení potravín. Produkujú žlté, zelené, modré, červené a fluoreskujúce žltozelené farbivo, ktoré uvoľňujú do prostredia a tým spôsobujú sfarbovanie potravín (napr. červenanie alebo modranie mlieka) a niektoré druhy môžu v potravinách vyvolávať nežiaduce pachy (napr. ovocný alebo rybí) a pachute (napr. mydlovú alebo horkú). Tieto baktérie majú aj silné proteolytické a lipolytické účinky, podieľajú sa na kazení mäsa, mäsových výrobkov, mlieka a tukov. Z hľadiska potravinárstva je najvýznamnejší druh *P. aeruginosa*, ktorý je pre človeka patogénny, pretože produkuje termolabilný enterotoxín a môže spôsobiť gastroenteritídy a enterokolitídy (Šilhánková, 2008).

#### **Rod *Acetobacter* (rad *Rhodospirillales*, čeľaď *Acetobacteraceae*)**

Ide o baktérie, ktoré majú schopnosť oxidovať etanol na kyselinu octovú a preto sa využívajú pri výrobe octu, no na druhej strane spôsobujú octovatenie piva, vína a tiež môžu kaziť fermentované mäsové výrobky. Niektoré druhy sa využívajú na oxidáciu organických zlúčenín a to napr. na oxidáciu sorbitolu na sorbózu pri výrobe vitamínu C. Najvýznamnejším potravinárskym druhom je *A. aceti* subsp. *aceti*, ktorý sa využíva na výrobu octu a oxiduje množstvo sacharidov (napr. glukózu, manózu a galaktózu) na príslušné kyseliny s karboxylovou skupinou na prvom uhlíku. Významným druhom je aj *Acetobacter orleanensis*, ktorý sa využíva pri výrobe vínneho octu (Kačániová a Tančinová, 2012).

#### **Rod *Gluconobacter* (rad *Rhodospirillales*, čeľaď *Acetobacteraceae*)**

Zástupcovia tohoto rodu dokážu kontaminovať pekárske droždie, pivo, víno a iné nápoje a tiež spôsobujú kazenie jabĺk a hrušiek, avšak patrí sem aj pre potravinárstvo významný druh *G. oxydans*, ktorý sa dá využiť na výrobu octu (Kalhotka, 2014).

Medzi G- aeróbne tyčinky a koky patrí okrem iných čeľadí pre potravinárstvo významná čeľaď baktérií *Halobacteriaceae* a jej zástupcovia majú silné proteolytické vlastnosti a preto sú schopné rozkladať silne solené mäso a to hlavne solené ryby. V ich bunkách sú prítomné baktérioruberíny červených odtieňov a preto tvoria na solenom mäse farebné škvrny. Pre potravinárstvo je významný aj rod *Flavobacterium*, ktorý je veľmi rozšírený na surovom mäse, v mlieku a v iných potravinách a spôsobuje ich kontamináciu. Z rodu *Brucella*

je z potravinárskeho hľadiska dôležitý druh *B. abortus*, ktorý spôsobuje brucelózu hovädzieho dobytku a tá môže, napr. pri poranení, byť prenosná aj na človeka (Šilhánková, 2008).

### 3.5 G- fakultatívne anaeróbne tyčinky

Do tejto skupiny patria pre potravinárstvo dôležité čeľade ako napr. *Enterobacteriaceae*, *Vibrionaceae*, *Pasteurellaceae* a iné rody nezaraďené do čeľadí (Šilhánková, 2008).

#### **Rod *Escherichia* (rad *Enterobacterales*, čeľaď *Enterobacteriaceae*)**

Najvýznamnejším zástupcom je modelový, najpreskúmanejší mikrobiálny druh *E. coli*, ktorá je indikátorom fekálneho znečistenia, hlavne vody a zlej alebo nedostatočnej hygieny a sanitácie, no tiež je *E. coli* bežnou súčasťou črevnej mikrobioty zdravých ľudí, čiastočne je to saprofytický mikroorganizmus a tiež symbiont, pretože svojím pôsobením znemožňuje prienik patogénov a súčasne je to aj priamo prospešný mikroorganizmus, pretože sa podieľa na tvorbe niektorých vitamínov, hlavne vitamínu K, a kmeň Nissle sa využíva ako probiotikum. Pravidelne sa vyskytuje v potravinárskych surovinách, ktoré boli v kontakte s hnojenu pôdou. *E. coli* je podmienene patogénna a niektoré jej kmene môžu spôsobovať veľké množstvo ochorení (Šilhánková, 2008).

#### ***Salmonella* (rad *Enterobacterales*, čeľaď *Enterobacteriaceae*)**

Tento rod zahŕňa patogénne baktérie a platné sú len dve druhové mená a to *S. bongori* a *S. enterica*, ktorá má 6 poddruhov a viac ako 2500 sérovarov. Niektoré sa často vyskytujú v potravinách alebo nápojoch a tento výskyt je nežiaduci a nebezpečný (Šilhánková, 1983; Tančinová, 2017).

#### **Rod *Shigella* (rad *Enterobacterales*, čeľaď *Enterobacteriaceae*)**

Tento rod zahŕňa 4 druhy a tie spôsobujú šigelózy: *S. dysenteriae*, *S. flexneri*, *S. boydii* a *S. sonnei*. Prenášané sú z fekálií chorých ľudí na ovocie alebo iné potraviny, napr. muchami, a to hlavne v letnom období (Tančinová, 2017).

#### **Rod *Yersinia* (rad *Enterobacterales*, čeľaď *Yersiniaceae*)**

Z rodu *Yersinia* je v potravinárstve najvýznamnejší druh *Y. enterocolitica*, ktorý sa vyskytuje vo výkaloch zvierat a vode a odtiaľ sa môže dostať napr. do mlieka, mliečnych výrobkov alebo na ryby a spôsobuje alimentárne ochorenie – yersiniózu (Tančinová, 2017).

**Rod *Proteus* (rad *Enterobacterales*, čeľaď *Morganellaceae*)**

Typické hnilobné baktérie z rodu *Proteus* sa vyskytujú hlavne v pôde, vo vode a v črevnom trakte. Skvasujú glukózu, rozkladajú bielkoviny - oxidatívnou deamináciou tvoria amoniak a ketokyseliny a podieľajú sa na kazení bielkovinových potravín a toto kazenie sprevádza hnilobný pach, ktorý spôsobuje indol a sírovodík. Významný mi druhmi sú *P. vulgaris* a *P. mirabilis* (Šilhánková, 1983).

**Rod *Vibrio* (rad *Vibrionales*, čeľaď *Vibrionaceae*)**

Niektorí zástupcovia z tohoto rodu sú v potravinárstve žiaduci a niektorí naopak, nežiaduci. Napr. *V. parahaemolyticus* spôsobuje otravy potravinami a *V. alginolyticus* sa dá využiť v potravinárstve ako súčasť nálevu pri nakladaní mäsa (Šilhánková, 2008).

Pre potravinárstvo sú významní aj príslušníci rodu *Obesumbacterium* a títo pôsobia nepriaznivo v pivovarstve a to preto, lebo sa môžu rozmnožovať v kvasiacich mladinách a produkujú kyseliny z glukózy a manózy. V negatívnom zmysle sú významné aj rody *Photobacterium* a *Lucibacterium*, ktoré za vhodných rastových podmienok svetielkujú a na solených rybách a na skladovanom mäse a rozkladajú bielkoviny a skvasujú cukry. Zástupcovia rodu *Zymomonas* skvasujú glukózu a fruktózu na dve molekuly etanolu a CO<sub>2</sub> za vzniku malého množstva laktátu a kontaminujú napr. pivo a mušt (Šilhánková, 2008).

### 3.6 G+ koky

**Rod *Micrococcus* (rad *Micrococcales*, čeľaď *Micrococcaceae*)**

Zástupcovia z tohoto rodu spôsobujú kazenie potravín a vyskytujú sa hlavne na solených potravinách, na ktorých môžu tvoriť žlté, oranžové až ružové kolónie a toto sfarbenie je spôsobené nerozpustnými karotenoidnými farbivami, ktoré sú prítomné v ich bunkách. Za normálnych okolností sú nepatogénne, avšak u osôb so zníženou imunitou môžu vyvolať infekciu (Kačániová a Tančinová, 2012).

**Rod *Enterococcus* (rad *Lactobacillales*, čeľaď *Enterococcaceae*)**

Druhy z rodu *Enterococcus* môžu slúžiť ako indikátor fekálneho znečistenia, prípadne nedostatočnej sanitácie. Sekundárne sa môžu vyskytovať v mlieku, mliečnych výrobkoch a v potravinách s vyšším obsahom soli. Vo fermentovaných potravinách sa podieľajú na tvorbe senzoričky aktívnych látok, ktoré dávajú výrobku chuť a vôňu, no niektoré druhy sú podmiennečne patogénne. Najznámejší zástupcovia tohto rodu sú *E. faecalis* a *E. faecium* (Kalhotka, 2014).

**Rod *Streptococcus* (rad *Lactobacillales*, čeľad' *Streptococcaceae*)**

Streptokoky sa dajú rozdeliť do 3 skupín, a to na pyogénne streptokoky (napr. *S. pyogenes*), ktoré sú patogénne, na orálne streptokoky (napr. *S. mutans*) a na ostatné streptokoky, kde patrí aj jediný potravinársky významný druh a to *S. thermophilus*, ktorý dokáže fermentovať glukózu, laktózu, manózu a fruktózu. Vyskytuje sa v mlieku a mliečnych výrobkoch a prirodzene sa vyskytuje aj ako zložka čistých mliekarenských kultúr, ktoré sa používajú na výrobu jogurtov, tvarohov a syrov. (Postgate, 1982; Hampl, 1968).

**Rod *Lactococcus* (rad *Lactobacillales*, čeľad' *Streptococcaceae*)**

Rod *Lactococcus* vznikol z rodu *Streptococcus* a baktérie z tohoto rodu sú homofermentatívne baktérie mliečneho kvasenia a bývajú súčasťou čistých mliekarenských kultúr pri výrobe kyslej smotany, kyslého mlieka, tvarohov a syrov. Najvýznamnejší je druh *L. lactis*, ktorý je významnou mezofilnou primárnou syrárskou kultúrou a tiež sa využíva pri výrobe kyslej smotany a následne aj pri výrobe masla z kyslej smotany. *L. lactis* subsp. *lactis* biovar *diacetylactis* tvorí diacetyl a ten sa významne podieľa na typickej aróme kyslomliečnych výrobkov. Niektoré kmene *L. lactis* produkujú bakteriocin nizín, ktoré inhibuje rozvoj G<sup>+</sup> baktérií a používa sa ako pomocná látka pri konzervácii potravín (Šilhánková, 2008; Kalhotka, 2014).

**Rod *Leuconostoc* (rad *Lactobacillales*, čeľad' *Lactobacillaceae*)**

Leukonostoky sa využívajú v mliekarenskom priemysle, ale prítomné bývajú aj v kyslej kapuste a tiež sú významnou zložkou mikrobioty mäsa a mäsových výrobkov. Významné v potravinárstve sú napr. *L. mesenteroides* subsp. *mesenteroides*, ktorý tvorí dextranský sliz a môže spôsobiť problémy v cukrovarníckom priemysle a spôsobiť môže aj rôsolovatenie sladených vôd a problémy pri výrobe droždia, pretože spôsobuje aglutináciu droždia. Ďalej má význam *L. mesenteroides* subsp. *cremoris*, ktorý sa využíva ako zložka čistej smotanovej kultúry, a to pre tvorbu diacetylu, ktorý dodáva arómu zo sacharózy. *L. mesenteroides* subsp. *dextranicum* sa využíva pri výrobe dextranského a je zložkou smotanovej kultúry (Šilhánková, 2008).

**Rod *Oenococcus* (rad *Lactobacillales*, čeľad' *Lactobacillaceae*)**

Do rodu *Oenococcus* patrí pre potravinárstvo významný druh - *O. oenos*, ktorý sa vyskytuje v hroznovom mušte a vo víne a pri výrobe vína sa uplatňuje v procese jablčno-mliečného kvasenia (Kačániová a Tančinová, 2012).

**Rod *Pediococcus* (rad *Lactobacillales*, čeľaď *Lactobacillaceae*)**

Pediokoky sú v potravinárskom priemysle zložkou štartovacích kultúr pre výrobu fermentovaných mäsových výrobkov, tiež sa vyskytujú v kyslej kapuste a významné sú hlavne druhy *P. acidilactici* a *P. pentosaceus*. Kazenie piva, mäsových výrobkov a výrobkov studenej kuchyne spôsobuje *P. damnosus*. *P. cerevisiae* býva tiež príčinou nežiaducej zmeny chuti piva, v niektorých krajinách sa využíva pri výrobe špeciálnych údenárskych výrobkov, k zaočkovaniu prátov a *P. halophilus* sa využíva pri výrobe fermentovanej pasty „miso“ zo sójovej múky. Niektoré druhy pôsobia v potravinárstve ako kontaminanty, pretože tvoria biacetyl a ten nepriaznivo ovplyvňuje vôňu a chuť piva (Šilhánková, 2008; Kalhotka, 2014).

**Rod *Staphylococcus* (rad *Caryophanales*, čeľaď *Staphylococcaceae*)**

Významné z hľadiska potravinárstva sú druhy *S. carnosus* a *S. xylosus*, pretože sa využívajú ako zložky štartovacích kultúr na výrobu fermentovaných salám. *S. aureus* je veľmi odolný voči podmienkam vonkajšieho prostredia, je patogénny a spôsobuje zápalové ochorenia a tiež produkuje termostabilný enterotoxín, ktorý spôsobuje stafylokokovú enterotoxikózu – alimentárnu otravu (Šilhánková, 2008).

Pre potravinársky priemysel je dôležitý aj rod *Planococcus*, konkrétne druh *P. halophilus*, pretože rastie aj na vysoko solených potravinách a tým spôsobuje ich znehodnocovanie (Šilhánková, 2008).

### 3.7 Sporotvorné tyčinky a koky

Táto skupina zahŕňa rody, ktoré tvoria v bunke jednu spóru, ktorá býva odolná voči vysokým teplotám, jedom, žiareniu a iným nepriaznivým podmienkam (Šilhánková, 2008).

**Rod *Bacillus* (rad *Caryophanales*, čeľaď *Bacillaceae*)**

Veľa druhov tohto rodu produkuje antibiotiká, iné druhy tvoria slizovité puzdrá polysacharidovej povahy, ktoré spôsobujú nežiaducu nitkovitosť pečiva. Väčšina druhov má veľmi aktívne amylolytické enzýmy, ktoré štiepia škrob a mnohé druhy majú aj pektolytické enzýmy, ktoré štiepia rastlinné pektíny. Väčšina druhov má veľmi aktívne proteolytické enzýmy, a preto sa uplatňujú pri aeróbnom a anaeróbnom rozklade bielkovín. Medzi významné druhy patrí napr. *B. subtilis*, ktorý je pôvodcom nitkovitosti pečiva a tiež sa z neho získavajú bakteriálne amylázy, ktoré sa uplatňujú v pivovarníctve alebo *Paenibacillus macerans* (predtým *Bacillus macerans*), ktorý disponuje pektinolytickými enzýmami a má význam pri máčaní ľanu v textilnom priemysle. Významný patogén je *B. anthracis* ktorý je



pôvodcom antraxu – sneti slezinnej. *Geobacillus stearothermophilus* (kedysi *B. stearothermophilus*) dokáže rásť bez prístupu kyslíka a býva príčinou kysnutia nekyslých konzerv s tvorbou plynu Rovnako spôsobuje kysnutie nekyslých konzerv s tvorbou plynu aj *Heyndrickxia coagulans* (predtým *Bacillus coagulans*). Z potravinárskeho hľadiska je v negatívnom zmysle najvýznamnejším druhom *B. cereus*, ktorý produkuje množstvo toxínov a enzýmov, napr. fosfolipázu, C hemolyzíny alebo cereolyzín a tie spôsobujú enterotoxikózu alebo nebezpečné infekcie oka (Sedláček, 2007).

### **Rod *Clostridium* (rad *Eubacteriales*, čeľaď *Clostridiaceae*)**

Tento rod je veľmi rozsiahly a z potravinárskeho hľadiska dôležitý. Niektoré druhy majú silné proteolytické vlastnosti (rozkladajú bielkoviny a to napr. *C. sporogenes*) a niektoré druhy majú sacharolytické schopnosti a niektoré sú okrem jednoduchých cukrov schopné využívať aj oligosacharidy a škrob a niektoré druhy štiepia aj celulózu. Klostrídiá produkujú pri anaeróbnej oxidácii veľké množstvo plynu ( $\text{CO}_2$  a  $\text{H}_2$ ) a spôsobujú tak neskoré durenie syrov a okrem toho sa tvorba plynu v syrárstve nepriamo prejavuje aj tvorbou nepríjemne páchnucich zlúčenín, hlavne kyseliny maslovej alebo spôsobujú bombáže konzerv a pri fermentácii produkujú zapáchajúcu kyselinu maslovú a znehodnocujú tak potraviny. Z hľadiska potravinárstva je významný napr. druh *C. acetobutylicum*, ktorý sa využíva pri kvasnej výrobe kyseliny maslovej, butanolu a acetónu, a podobne sa využíva aj druh *C. butyricum*. Príčinou bombáží konzerv je druh *Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum* (predtým *Clostridium thermosaccharolyticum*) so schopnosťou vytvárať termoodolné spóry. Z potravinárskeho hľadiska je najdôležitejší druh *C. botulinum*, ktorý produkuje botulotoxíny v konzervovaných potravinách, a to hlavne pri zaváraní mäsa v domácnostiach. Toxín produkuje aj druh *C. perfringens* a tento toxín sa tvorí pri sporulácii, ktorá prebieha v črevnom trakte človeka (Šilhánková, 2008; Hampl, 1968).

### **3.8 Pravidelné nesporulujúce G+ tyčinky**

Do tejto skupiny patria rody, z ktorých niektoré sú mikroaerofilné a energiu získavajú mliečnym kvasením, niektoré rody kvasné schopnosti nemajú (Šilhánková, 2008).

#### **Paličky mliečneho kysnutia (skôr rod *Lactobacillus*; rad *Lactobacillales*, čeľaď *Lactobacillaceae*)**

Tento rod je dôležitý pre potravinárstvo a druhy z tohto rodu sa vyskytujú v mlieku, kde vyvolávajú prirodzené kysnutie (skvasovanie laktózy na kyselinu mliečnu). Z hľadiska

produkcie hlavných metabolitov pri mliečnom kvasení sa dajú laktobacily rozdeliť na tri skupiny (Šilhánková, 2008).

#### **A) Obligátne homofermentatívne mliečne paličky**

Vyznačujú sa tým, že jej zástupcovia pri skvasovaní sacharidov produkujú len kyselinu mliečnu. Kyselina mliečna zastavuje rozmnožovanie hnilobných baktérií a stafylokokov a preto sa činnosť mliečnych baktérií využíva na konzerváciu zeleniny (napr. kapusty a uhoriek). Medzi potravinársky významné obligátne homofermentatívne laktobacily patria napr. *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *delbrueckii*, subsp. *bulgaricus*, subsp. *lactis*, *Lactobacillus helveticus*, *Lactobacillus acidophilus* a iné. Využívajú sa v mliekarenskom priemysle pri príprave syrov a *L. acidophilus* sa využíva pri výrobe acidofilného mlieka, *L. delbrueckii* subsp. *bulgaricus* pri výrobe jogurtov (skvasuje laktózu na kyselinu mliečnu a tak zvýši kyslosť výrobku a zabráni rastu mnohých patogénnych baktérií), *L. delbrueckii* subsp. *delbrueckii* sa využíva na priemyslovú výrobu kyseliny mliečnej z melasy, pretože skvasuje sacharózu (Postgate, 1982; Šilhánková, 2008; Hampl, 1968).

#### **B) Fakultatívne homofermentatívne mliečne paličky**

Do tejto skupiny patria významné druhy ako napr. *Lacticaseibacillus casei*, *Latilactobacillus curvatus*, *Latilactobacillus sakei* a *Lactiplantibacillus plantarum*, ktorý sa využíva pri konzervácii kapusty a uhoriek, avšak je tiež súčasťou kefirových zrn a vyskytuje sa v pekárskom kvásku pri výrobe žitného chleba (Postgate, 1982; Šilhánková, 2008; Hampl, 1968).

#### **C) Obligátne heterofermentatívne mliečne paličky**

Zástupcovia z tejto skupiny okrem kyseliny mliečnej produkujú ešte značné množstvo etanolu a oxidu uhličitého. Do tejto poslednej skupiny patria z hľadiska potravinárstva významné druhy ako napr. *Levilactobacillus brevis*, *Limosilactobacillus fermentum* a tieto druhy sa vyskytujú v pekárskom kvásku, *Lentilactobacillus buchneri* a *Lentilactobacillus kefirii*. Niektoré heterofermentatívne laktobacily sa vyskytujú tiež ako nežiaduca kontaminácia vo vinárstve a pivovarstve, kde spôsobujú chuťové vady výrobkov a pri výrobe droždia spôsobujú stratu výťažnosti (napr. *Limosilactobacillus fermentum* a *Lentilactobacillus buchneri*). Niektoré baktérie tvoria pri kvasení peroxid vodíka, ten reaguje s ružovými pigmentmi údeného mäsa za vzniku nežiaduceho zeleného sfarbenia (Postgate, 1982; Šilhánková, 2008; Hampl, 1968).

### 3.9 Nepravidelné nesporelující G<sup>+</sup> tyčinky

Do tejto skupiny patria fyziologicky rozdielne baktérie – aeróbne aj anaeróbne, nepravidelného tvaru a táto skupina zahŕňa mnohé potravinársky významné baktérie a tiež aj mnohé patogény. V minulosti sa tieto baktérie označovali ako koryneformné na základe ich morfolologickej podobnosti s rodom *Corynebacterium* (Tančinová, 2017).

#### **Rod *Brevibacterium* (rad *Micrococcales*, čeľaď *Brevibacteriaceae*)**

Do tohto rodu patria baktérie, ktoré sa vyskytujú napr. na pokožke, na aeróbne zrejmých syroch a rybách. Hlavnou súčasťou mazových kultúr, ktoré sa využívajú v syrárstve na výrobu syrov zrejmých pod mazom (napr. romadúr) je *B. linens* (Šilhánková, 2008).

#### **Rod *Bifidobacterium* (rad *Bifidobacteriales*, čeľaď *Bifidobacteriaceae*)**

Bifidobaktérie tvoria prirodzenú súčasť črevnej mikrobioty cicavcov a patria medzi antagonistov nežiaducich črevných baktérií, a preto sa využívajú ako probiotikum. Ich výhodou je, že dokážu zamedziť adhézii patogénov k bunkám črevného epitelu a tiež dokážu inhibovať rast nežiaducich baktérií produkciou kyselín. Produkujú lipofilný faktor, ktorý ireverzibilne inaktivuje baktérie ako napr. *Listeria monocytogenes* a *Staphylococcus aureus*. Porodukovať môžu aj bakteriocín bifidocín, ktorý dokáže inhibovať baktérie z rodov *Bacillus*, *Enterococcus*, *Listeria* a *Pediococcus*. Najznámejšie druhy z tohto rodu sú napr. *B. bifidum* alebo *B. infantis* a využívajú sa pri výrobe mliečnych nápojov (Sedláček, 2007).

#### **Rod *Propionibacterium* (rad *Actinomycetales*, čeľaď *Propionibacteriaceae*)**

V potravinárstve sú významnými druhmi napr. *P. freudenreichii* subsp. *freudenreichii* a subsp. *schermanii* a tieto sa uplatňujú pri výrobe syrov ementálskeho typu s vysoko zahrievanou syrovinou, kde svojou činnosťou vytvárajú v ceste syru oká a podieľajú sa aj na organoleptických vlastnostiach týchto syrov. Niektoré druhy sa používajú na výrobu kvasených mliečnych výrobkov alebo na kvasnú výrobu propiónovej kyseliny, ktorá má silné protiplesňové účinky. *P. jensenii* a *P. thoenii* môžu kontaminovať syry a vytvárať na nich hnedočervené škvrny (Šilhánková, 2008).

## 4 ZMENY V TAXONÓMII POTRAVINÁRSKY VÝZNAMNÝCH G+ A G- BAKTÉRIÍ

V súčasnosti je známych viac ako 20 000 druhov baktérií, ktoré sú usporiadané do rôznych čeľadí a rodov. V minulosti sa toto usporiadanie mnohokrát zmenilo a zmeny v usporiadaní, čiže v taxonómii prebiehajú neustále.

### 4.1 Skupiny okolo rodu *Clostridium*

*Clostridium* je veľký rod obligátne anaeróbných, G+ baktérií. Tento rod a príbuzné rody, ktorých je 24 a tieto zahrňujú spolu 390 druhov a 12 poddruhov a patria sem mnohé ľudské a zvieracie patogény, ale aj priemyselne a potravinársky dôležité mikroorganizmy (Cruz-Morales et al., 2019).

Tabuľka 1 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodu *Clostridium*

Pôvodný druh	Nový druh	Zdroj
<i>Clostridium absonum</i>	<i>Clostridium sardiniense</i>	Prévot 1938 (Approved Lists 1980)
<i>Clostridium acidurici</i>	<i>Clostridium acidurici</i>	Barker 1938 (Approved Lists 1980)
<i>Clostridium acidurici</i>	<i>Gottschalkia acidurici</i>	Poehlein et al. 2017
<i>Clostridium aerotolerans</i>	<i>Lacrimispora aerotolerans</i>	Haas and Blanchard 2000
<i>Clostridium aldenense</i>	<i>Enterocloster aldenensis</i>	Haas and Blanchard 2000
<i>Clostridium aldrichii</i>	<i>Acetivibrio aldrichii</i>	Tindall 2019
<i>Clostridium bartlettii</i>	<i>Intestinibacter bartlettii</i>	Gerritsen et al. 2014
<i>Clostridium bifermentans</i>	<b><i>Paraclostridium bifermentans</i></b>	Sasi Jyothsna et al. 2016
<i>Clostridium bryantii</i>	<i>Syntrophospora bryantii</i>	Thao et al. 1990
<i>Clostridium citroniae</i>	<i>Enterocloster citroniae</i>	Haas and Blanchard 2000
<i>Clostridium difficile</i>	<b><i>Clostridioides difficile</i></b>	Lawson et al. 2016
<i>Clostridium durum</i>	<i>Paenibacillus durus</i>	Collins et al. 1994
<i>Clostridium glycolicum</i>	<i>Terrisporobacter glycolicus</i>	Gerritsen et al. 2014
<i>Clostridium hemolyticum</i>	<i>Clostridium haemolyticum</i>	Scott et al. 1935 (Approved Lists 1980)
<i>Clostridium indolis</i>	<i>Lacrimispora indolis</i>	Haas and Blanchard 2000
<i>Clostridium intestinalis</i>	<i>Clostridium intestinale</i>	Lee et al. 1989
<i>Clostridium lactatifermentans</i>	<i>Anaerotignum lactatifermentans</i>	Ueki et al. 2017
<i>Clostridium lortetii</i>	<i>Sporohalobacter lortetii</i>	Oren et al. 1988
<i>Clostridium neopropionicum</i>	<b><i>Anaerotignum neopropionicum</i></b>	Ueki et al. 2017
<i>Clostridium orbiscindens</i>	<i>Flavonifractor plautii</i>	Carlier et al. 2010
<i>Clostridium oroticum</i>	<i>Faecalicatena orotica</i>	Sakamoto et al. 2017

<i>Clostridium paraperfringens</i>	<b><i>Clostridium baratii</i></b>	Holdeman and Moore 1970 (Approved Lists 1980)
<i>Clostridium perenne</i>	<b><i>Clostridium baratii</i></b>	Holdeman and Moore 1970 (Approved Lists 1980)
<i>Clostridium propionicum</i>	<i>Anaerotrignum propionicum</i>	Ueki et al. 2017
<i>Clostridium proteolyticum</i>	<i>Hathewayia proteolytica</i>	Lawson and Rainey 2016
<i>Clostridium ramosum</i>	<i>Thomasclavelia ramosa</i>	Lawson et al. 2023
<i>Clostridium roseum</i>	<i>Clostridium felsineum</i>	Bergey et al. 1939 (Approved Lists 1980)
<i>Clostridium saccharolyticum</i>	<i>Lacrimispora saccharolytica</i>	Haas and Blanchard 2000
<i>Clostridium sordellii</i>	<b><i>Paeniclostridium sordellii</i></b>	Sasi Jyothsna et al. 2016
<i>Clostridium thermaceticum</i>	<b><i>Moorella thermoacetica</i></b>	Collins et al. 1994
<i>Clostridium thermosaccharolyticum</i>	<b><i>Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum</i></b>	Collins et al. 1994
<i>Clostridium ventriculi</i>	<i>Sarcina ventriculi</i>	Goodsir 1842 (Approved Lists 1980)

*Paraclostridium bifermentans* je veľmi rozšírený druh, ľudský patogén a občasne môže u ľudí spôsobiť smrteľné infekcie (Zhao et al., 2022).

*Clostridioides difficile* je ľudský a zvierací črevný patogén a môže kontaminovať mäso, mäsové výrobky, ale aj zeleninu, morské plody a mlieko (Tkalec et al., 2020).

*Anaerotrignum neopropionicum* je baktéria produkujúca propionát a využíva na to akrylátovú cestu na fermentáciu etanolu a CO<sub>2</sub> na propionát a acetát (Benito-Vaquerizo et al., 2022).

*Clostridium baratii* zahŕňa kmene a z nich niektoré produkujú nebezpečné botulínové neurotoxíny (Scanes, 2018).

*Paeniclostridium sordellii* je patogénna baktéria, ktorá spôsobuje infekciu maternice po spontánnom alebo vyvolanom potrate a úmrtnosť je takmer 100% (Vidor, et al., 2019).

*Moorella thermoacetica* je acetogénna baktéria, ktorá dokáže autotrofne produkovať acetát redukciou oxidu uhličitého (Drake, 2004)

*Thermoanaerobacterium thermosaccharolyticum* môže spôsobiť kazenie kyslých a okyslených produktov, ale tiež aj produktov obsahujúcich ovocie a škrobové zložky (Broughton, 2014).

## 4.2 Skupiny okolo rodu *Bacillus*

Rod *Bacillus* je veľká skupina G<sup>+</sup>, endospóry tvoriacich, aeróbných alebo fakultatívne anaeróbných tyčinkovitých baktérií, ktoré prešli značnou reklasifikáciou, pretože pokroky v molekulárnej biológii odhalili vysokú fylogenetickú heterogenitu. Rod *Bacillus* a príbuzné rody, ktorých je popísaných 204 a tieto rody zahrňujú 2601 druhov a 124 poddruhov, sú veľmi široko rozšírené v prírode (Cihan, 2012).

Tabuľka 2 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodu *Bacillus*

Pôvodný druh	Nový druh	Zdroj
<i>Bacillus aciditolerans</i>	<i>Ferdinandcohnia aciditolerans</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus akibai</i>	<i>Halalkalibacter akibai</i>	Joshi et al. 2022
<i>Bacillus asahii</i>	<i>Peribacillus asahii</i>	Patel and Gupta 2020
<i>Bacillus brevis</i>	<b><i>Brevibacillus brevis</i></b>	Shida et al. 1996
<i>Bacillus camelliae</i>	<i>Margalitia camelliae</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus cellulosilyticus</i>	<i>Evansella cellulosilytica</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus cibi</i>	<i>Metabacillus indicus</i>	Patel and Gupta 2020
<i>Bacillus coagulans</i>	<b><i>Heyndrickxia coagulans</i></b>	Narsing Rao et al. 2023
<i>Bacillus endoradicis</i>	<i>Peribacillus endoradicis</i>	Patel and Gupta 2020
<i>Bacillus fermenti</i>	<i>Mesobacillus fermenti</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus fordii</i>	<i>Siminovitchia fordii</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus formosensis</i>	<i>Cytobacillus formosensis</i>	Patel and Gupta 2020
<i>Bacillus fortis</i>	<i>Siminovitchia fortis</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus fusiformis</i>	<i>Lysinibacillus fusiformis</i>	Ahmed et al. 2007
<i>Bacillus galactosidilyticus</i>	<i>Lederbergia galactosidilytica</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus gelatini</i>	<i>Fictibacillus gelatini</i>	Glaeser et al. 2013
<i>Bacillus glucanolyticus</i>	<i>Paenibacillus glucanolyticus</i>	Shida et al. 1997
<i>Bacillus gordonae</i>	<i>Paenibacillus validus</i>	Ash et al. 1994
<i>Bacillus halodurans</i>	<i>Halalkalibacterium halodurans</i>	Joshi et al. 2022
<i>Bacillus hisashii</i>	<i>Caldibacillus hisashii</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus jeotgali</i>	<i>Mesobacillus jeotgalli</i>	Patel and Gupta 2020
<i>Bacillus kochii</i>	<i>Cytobacillus kochii</i>	Patel and Gupta 2020
<i>Bacillus laevolacticus</i>	<i>Sporolactobacillus laevolacticus</i>	Hatayama et al. 2006
<i>Bacillus lentimorbus</i>	<i>Paenibacillus lentimorbus</i>	Pettersson et al. 1999
<i>Bacillus lycopersici</i>	<i>Caldibacillus lycopersici</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus macauensis</i>	<i>Fictibacillus macauensis</i>	Glaeser et al. 2013
<i>Bacillus macerans</i>	<i>Paenibacillus macerans</i>	Ash et al. 1994
<i>Bacillus migulanus</i>	<i>Anaeurinibacillus migulanus</i>	Shida et al. 1996
<i>Bacillus novalis</i>	<i>Neobacillus novalis</i>	Patel and Gupta 2020

<i>Bacillus oryzaecorticis</i>	<i>Rossellomorea oryzaecorticis</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus parabrevis</i>	<i>Brevibacillus parabrevis</i>	Shida et al. 1996
<i>Bacillus pasteurii</i>	<i>Sporosarcina pasteurii</i>	Yoon et al. 2001
<i>Bacillus polymyxa</i>	<i>Paenibacillus polymyxa</i>	Ash et al. 1994
<i>Bacillus reuszeri</i>	<i>Brevibacillus reuszeri</i>	Shida et al. 1996
<i>Bacillus rhizosphaerae</i>	<i>Shouchella clausii</i>	Joshi et al. 2022
<i>Bacillus solani</i>	<i>Cytobacillus solani</i>	Patel and Gupta 2020
<i>Oceanobacillus soja</i>	<i>Oceanobacillus sojiae</i>	Tominaga et al. 2009
<i>Bacillus sporothermodurans</i>	<i>Heyndrickxia sporothermodurans</i>	Gupta et al. 2020
<i>Bacillus stearothermophilus</i>	<b><i>Geobacillus stearothermophilus</i></b>	Nazina et al. 2001
<i>Bacillus thermoaerophilus</i>	<i>Aneurinibacillus thermoaerophilus</i>	Heyndrickx et al. 1997
<i>Bacillus vini</i>	<i>Heyndrickxia vini</i>	Gupta et al. 2020

*Heyndrickxia coagulans* môže u zvierat podporovať vstrebávanie živín a znižovať úmrtnosť. U ľudí môže byť použitá na liečbu gastrointestinálnych porúch, depresívnych symptómov a nealkoholického stukovatenia pečene. Táto baktéria bola navrhnutá ako ideálna náhrada za antibiotiká a iné lieky (Wang et al., 2022).

*Geobacillus stearothermophilus* je termofilná aeróbna baktéria, ktorá vytvára tepelne odolné spóry a biofilmy, ktoré sa viažu na povrchy z nehrdzavejúcej ocele v mliekarňach. Tento druh je zodpovedný za kyslé kazenie konzerv (Kakagianni, 2022).

*Brevibacillus brevis* sa používa ako biokontrola pred a po zbere jahôd pred sivou plesňou (Ray, 2020).

### 4.3 Čeľaď Enterobacteriaceae

Čeľaď *Enterobacteriaceae* zahŕňa niekoľko rodov, ktoré majú okrem iných odvetví význam aj v potravinárstve. Ide o G-, fakultatívne anaeróbne, pohyblivé alebo nepohyblivé tyčinky. Nachádzajú sa vo vode, pôde, rastlinách a sú súčasťou normálnej mikrobioty u väčšiny živočíchov, vrátane človeka, u ktorého môžu vyvolať rôzne ochorenia – niektoré druhy sú primárne patogénne. Patria sem významné rody ako napr. *Escherichia*, *Enterobacter*, *Citrobacter*, *Klebsiella*, *Proteus*, *Salmonella* a *Shigella* (Šilhánková, 2008).

Tabuľka 3 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodov čeľade Enterobacteriaceae

Pôvodný druh	Nový druh	Zdroj
<i>Escherichia adecarboxylata</i>	<b><i>Leclercia adecarboxylata</i></b>	Tamura et al. 1987
<i>Escherichia vulneris</i>	<i>Pseudoescherichia vulneris</i>	Alnajar and Gupta 2017
<i>Enterobacter aerogenes</i>	<b><i>Klebsiella aerogenes</i></b>	Tindall et al. 2017
<i>Enterobacter cowanii</i>	<b><i>Kosakonia cowanii</i></b>	Brady et al. 2013
<i>Enterobacter dissolvens</i>	<b><i>Enterobacter cloacae</i> subsp. <i>dissolvens</i></b>	Hoffmann et al. 2005
<i>Enterobacter hevleticus</i>	<i>Franconibacter helveticus</i>	Stephan et al. 2014
<i>Enterobacter sacchari</i>	<i>Kosakonia sacchari</i>	Gu et al. 2014
<i>Enterobacter sakazakii</i>	<b><i>Cronobacter sakazakii</i></b>	Iversen et al. 2008
<i>Enterobacter taylorae</i>	<i>Enterobacter</i> <i>cancerogenus</i>	Dickey and Zumoff 1988
<i>Citrobacter diversus</i>	<b><i>Citrobacter koseri</i></b>	Frederiksen 1970 (Approved Lists 1980)
<i>Klebsiella alba</i>	<b><i>Klebsiella</i> <i>quasipneumoniae</i> subsp. <i>similipneumoniae</i></b>	Brisse et al. 2014
<i>Klebsiella mobilis</i>	<b><i>Klebsiella aerogenes</i></b>	Tindall et al. 2017
<i>Klebsiella trevisanii</i>	<b><i>Raoultella planticola</i></b>	Drancourt et al. 2001
<i>Salmonella arizonae</i>	<b><i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>arizonae</i></b>	Le Minor and Popoff 1987
<i>Salmonella enteritidis</i>	<b><i>Salmonella enterica</i></b>	Le Minor and Popoff 1987
<i>Salmonella paratyphi</i>	<b><i>Salmonella enterica</i></b>	Le Minor and Popoff 1987
<i>Salmonella typhi</i>	<b><i>Salmonella enterica</i></b>	Le Minor and Popoff 1987
<i>Salmonella typhimurium</i>	<b><i>Salmonella enterica</i></b>	Le Minor and Popoff 1987

*Leclercia adecarboxylata* je vzácný ľudský patogén, ktorý sa často získava ranou alebo kontaktom s vodným prostredím (Keyes, 2020).

*Klebsiella aerogenes* je tolerantná voči soli a je schopná produkovať plyn a spôsobovať diery v syroch, čo vedie k špongiovitej konzistencii (Chart, 2012).

*Raoultella planticola* spôsobuje biodegradáciu rôznych druhov olejov – napr. sezamového, olivového a iných jedlých rastlinných olejov (Partin, 2021).

*Kosakonia cowanii* kontaminuje potraviny, napr. práškovú dojčenskú výživu alebo listy bazalky (Berinson, 2020).

*Cronobacter sakazakii* je potravinový patogén, ktorý spôsobuje závažné infekcie, hlavne u novorodencov. Nachádza sa v širokej škále potravín, napr. v mäse, vode, zelenine, ryži, chlebe, v čaji a práškovej dojčenskej výžive (Kellerman, 2021).



*Salmonella enterica* je patogénny mikroorganizmus, ktorý sa vyskytuje aj v potravinách a spôsobuje ochorenia, od miernej gastroenteritídy až po ťažké infekcie. Nakaziť sa je možné požitím tepelne neupravených potravín, ako napr. majonéza a zmrzlina (Bennett, 2020).

#### 4.4 Baktérie mliečneho kvasenia

Medzi baktérie mliečneho kvasenia patrí niekoľko rodov G<sup>+</sup> baktérií, ktoré sú schopné produkovať štruktúrne antimikróbne pôsobiace látky a charakteristickou antimikróbnou látkou pre všetky baktérie mliečneho kvasenia je kyselina mliečna. Uplatňujú sa v mliekarenskom priemysle, pri konzervovaní potravín, vo výživových doplnkoch a aj vo veterinárnej medicíne. Medzi najvýznamnejšie rody BMK patria *Enterococcus*, *Lactobacillus*, *Lactococcus*, *Leuconostoc*, *Oenococcus*, *Pediococcus*, *Weissella* a *Streptococcus* (Bilková a kol., 2011).

Tabuľka 4 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodov baktérií mliečneho kvasenia

Pôvodný druh	Nový druh	Zdroj
<i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>cremoris</i>	<b><i>Lactococcus cremoris</i></b>	Li et al. 2021
<i>Pediococcus dextrinicus</i>	<i>Lapidilactobacillus dextrinicus</i>	Zheng et al. 2020
<i>Pediococcus halophilus</i>	<i>Tetragenococcus halophilus</i>	Collins et al. 1993
<i>Pediococcus</i>	<b><i>Pediococcus acidilactici</i></b>	Lindner 1887 (Approved Lists 1980)
<i>Micrococcus agilis</i>	<i>Arthrobacter agilis</i>	Koch et al. 1995
<i>Micrococcus lactis</i>	<i>Neomicrococcus lactis</i>	Prakash et al. 2015
<i>Leuconostoc amelibiosum</i>	<b><i>Leuconostoc citreum</i></b>	Farrow et al. 1989
<i>Leuconostoc argentinum</i>	<b><i>Leuconostoc lactis</i></b>	Garvie 1960 (Approved Lists 1980)
<i>Leuconostoc cremoris</i>	<b><i>Leuconostoc mesenteroides</i> subsp. <i>cremoris</i></b>	Gravie 1983
<i>Leuconostoc dextranicum</i>	<i>Leuconostoc mesenteroides</i> subsp. <i>dextranicum</i>	Gravie 1983
<i>Leuconostoc durionis</i>	<i>Fructobacillus durionis</i>	Endo and Okada 2008
<i>Leuconostoc ficulneum</i>	<i>Fructobacillus ficulneus</i>	Endo and Okada 2008
<i>Leuconostoc fructosum</i>	<i>Fructobacillus fructosus</i>	Endo and Okada 2008
<i>Leuconostoc oeni</i>	<b><i>Oenococcus oeni</i></b>	Dicks et al. 1995
<i>Leuconostoc oenos</i>	<b><i>Leuconostoc oeni</i></b>	Garvie 1967 (Approved Lists 1980)
<i>Leuconostoc paramesenteroides</i>	<i>Weissella paramesenteroides</i>	Collins et al. 1994
<i>Lactobacillus viridescens</i>	<b><i>Weissella viridescens</i></b>	Collins et al. 1994
<i>Leuconostoc pseudoficulneum</i>	<i>Fructobacillus pseudoficulneus</i>	Endo and Okada 2008

<i>Enterococcus flavescens</i>	<i>Enterococcus casseliflavus</i>	Collins et al. 1984
<i>Enterococcus saccharominimus</i>	<i>Enterococcus italicus</i>	Fortina et al. 2004
<i>Enterococcus seriolicida</i>	<b><i>Lactococcus garvieae</i></b>	Schleifer et al. 1986
<i>Lactobacillus xylosus</i>	<b><i>Lactococcus lactis</i></b>	Schleifer et al. 1986
<i>Streptococcus bovis</i>	<i>Streptococcus equinus</i>	Andrewes and Horder 1906 (Approved Lists 1980)
<i>Streptococcus caprinus</i>	<i>Streptococcus gallolyticus</i>	Osawa et al. 1996
<i>Streptococcus cecorum</i>	<i>Enterococcus cecorum</i>	Williams et al. 1989
<i>Streptococcus cremoris</i>	<b><i>Lactococcus cremoris</i></b>	Li et al. 2021
<i>Streptococcus defectivus</i>	<i>Abiotrophia defectiva</i>	Kawamura et al. 1995
<i>Streptococcus durans</i>	<i>Enterococcus durans</i>	Collins et al. 1984
<i>Streptococcus faecalis</i>	<i>Enterococcus faecalis</i>	Schleifer and Kilpper-Bälz 1984
<i>Streptococcus faecium</i>	<i>Enterococcus faecium</i>	Schleifer and Kilpper-Bälz 1984
<i>Streptococcus garvieae</i>	<b><i>Lactococcus garvieae</i></b>	Schleifer et al. 1986
<i>Streptococcus lactis</i>	<b><i>Lactococcus lactis</i></b>	Schleifer et al. 1986
<i>Streptococcus oligofermentans</i>	<i>Streptococcus cristatus</i>	Handley et al. 1991
<i>Streptococcus plantarum</i>	<i>Lactococcus plantarum</i>	Schleifer et al. 1986
<i>Streptococcus raffinolactis</i>	<i>Lactococcus raffinolactis</i>	Schleifer et al. 1986
<i>Streptococcus saccharolyticus</i>	<i>Enterococcus saccharolyticus</i>	Rodrigues and Collins 1991
<i>Streptococcus thermophilus</i>	<i>Streptococcus salivarius</i> subsp. <i>thermophilus</i>	Farrow and Collins 1984
<i>Streptococcus lactis</i> subsp. <i>cremoris</i>	<b><i>Lactococcus cremoris</i></b>	Li et al. 2021
<i>Streptococcus lactis</i> subsp. <i>diacetilactis</i>	<b><i>Lactococcus lactis</i></b>	Schleifer et al. 1986
<i>Streptococcus lactis</i> subsp. <i>lactis</i>	<b><i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>lactis</i></b>	Schleifer et al. 1986
<i>Lactobacillus achengensis</i>	<i>Lapidilactobacillus achengensis</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus acidifarinae</i>	<i>Levilactobacillus acidifarinae</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus acidipiscis</i>	<i>Ligilactobacillus acidipiscis</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus agilis</i>	<i>Ligilactobacillus agilis</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus bif fermentans</i>	<i>Loigolactobacillus bif fermentans</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus brevis</i>	<b><i>Levilactobacillus brevis</i></b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus buchneri</i>	<i>Lentilactobacillus buchneri</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus bulgaricus</i>	<b><i>Lactobacillus delbrueckii</i> subsp. <i>bulgaricus</i></b>	Weiss et al. 1984
<i>Lactobacillus carnis</i>	<i>Carnobacterium maltaroticum</i>	Mora et al. 2003
<i>Lactobacillus casei</i>	<i>Lacticaseibacillus casei</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus cerevisiae</i>	<i>Levilactobacillus cerevisiae</i>	Zheng et al. 2020

<i>Lactobacillus confusus</i>	<b>Weissella confusa</b>	Collins et al. 1994
<i>Lactobacillus dextrinicus</i>	<i>Lapidilactobacillus dextrinicus</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus divergens</i>	<i>Carnobacterium divergens</i>	Collins et al. 1987
<i>Lactobacillus fabifermentans</i>	<i>Lactiplantibacillus fabifermentans</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus fermentum</i>	<b>Limosilactobacillus fermentum</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus fructivorans</i>	<i>Fructilactobacillus fructivorans</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus fructosus</i>	<i>Fructobacillus fructosus</i>	Endo and Okada 2008
<i>Lactobacillus frumenti</i>	<i>Limosilactobacillus frumenti</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus halodurans</i>	<i>Companilactobacillus halodurans</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus halotolerans</i>	<i>Weissella halotolerans</i>	Collins et al. 1994
<i>Lactobacillus heterohiochii</i>	<i>Fructilactobacillus fructivorans</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus kefirgranum</i>	<i>Lactobacillus kefiranofaciens</i> subsp. <i>kefirgranum</i>	Vancanneyt et al. 2004
<i>Lactobacillus kefiri</i>	<b>Lentilactobacillus kefiri</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus kimchicus</i>	<i>Secundilactobacillus kimchicus</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus kimchiensis</i>	<i>Companilactobacillus kimchiensis</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus kimchii</i>	<i>Companilactobacillus kimchii</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus lactis</i>	<b>Lactobacillus delbrueckii</b> subsp. <b>lactis</b>	Weiss et al. 1984
<i>Lactobacillus oeni</i>	<i>Liquorilactobacillus oeni</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus oligofermentans</i>	<i>Paucilactobacillus oligofermentans</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus parabrevis</i>	<i>Levilactobacillus parabrevis</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus parabuchneri</i>	<i>Lentilactobacillus parabuchneri</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus paracasei</i>	<b>Lacticaseibacillus paracasei</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus parakefiri</i>	<b>Lentilactobacillus parakefiri</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus paraplantarum</i>	<b>Lactiplantibacillus paraplantarum</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus pentosus</i>	<b>Lactiplantibacillus pentosus</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus plantarum</i>	<b>Lactiplantibacillus plantarum</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	<b>Lacticaseibacillus rhamnosus</b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus sakei</i>	<b>Latilactobacillus sakei</b>	Zheng et al. 2020

<i>Lactobacillus salivarius</i>	<b><i>Ligilactobacillus salivarius</i></b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	<i>Fructilactobacillus sanfranciscensis</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus suntoryeus</i>	<b><i>Lactobacillus helveticus</i></b>	Bergey et al. 1925 (Approved Lists 1980)
<i>Lactobacillus thermotolerans</i>	<i>Limosilactobacillus ingluviei</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus trichodes</i>	<i>Fructilactobacillus fructivorans</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus tucseti</i>	<i>Companilactobacillus tucseti</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus uvarum</i>	<i>Liquorilactobacillus uvarum</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus vini</i>	<i>Liquorilactobacillus vini</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus viridescens</i>	<b><i>Weissella viridescens</i></b>	Collins et al. 1994
<i>Lactobacillus xylosus</i>	<b><i>Lactococcus lactis</i></b>	Schleifer et al. 1986
<i>Lactobacillus yamanashiensis</i>	<i>Liquorilactobacillus mali</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus zeae</i>	<i>Lacticaseibacillus zeae</i>	Liu and Gu 2020
<i>Lactobacillus zymae</i>	<i>Levilactobacillus zymae</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus composti</i>	<i>Agrilactobacillus composti</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus herbarum</i>	<i>Lactiplantibacillus herbarum</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus kefir</i>	<b><i>Lentilactobacillus kefir</i></b>	Zheng et al. 2020
<i>Lactobacillus oryzae</i>	<i>Secundilactobacillus oryzae</i>	Zheng et al. 2020
<i>Lactiplantibacillus garii</i>	<i>Lactiplantibacillus garii</i>	Zheng et al. 2020

*Leuconostoc citreum* je druh, ktorý produkuje dextrans a má potenciál, aby sa využíval ako probiotikum (Das, 2022).

*Lactococcus cremoris* sa využíva pri fermentácii syrov a jogurtov (Douwenga, 2021).

*Leuconostoc lactis* sa nachádza vo fermentovaných mliečnych výrobkoch, no pre hostiteľov s oslabenou imunitou má aj patogénny potenciál (Omori, 2020).

Kmene baktérie *Pediococcus acidilactici* sa príležitostne používajú v mliečnych výrobkoch, ako sú biojogurty, kde sa využívajú na prekyslenie potravin (Holland, 2011).

*Leuconostoc mesenteroides* subsp. *cremoris* iniciuje mliečne kvasenie kyslej kapusty a uhoriek. V porovnaní s inými baktériami mliečného kvasenia dokáže tolerovať vysoké koncentrácie soli a cukru a vďaka produkcii oxidu uhličitého a kyseliny, čo znižuje pH a tým brzdí rozvoj, mikroorganizmov, ktoré sa podieľajú na kazení (Soetaert, 1995).

*Lactobacillus helveticus* sa prirodzene vyskytuje v črevách a aj v niektorých potravinách, ako napr. syry – parmezán, čedar, mlieko, kefír, fermentované potraviny – kimchi, kyslé uhorky a kyslá kapusta a tiež sa nachádza v probiotických doplnkoch výživy (Wilson, 2019).

*Lentilactobacillus parakefiri* sa spolu s inými baktériami mliečného kvasenia používa pri výrobe fermentovaných mliečnych výrobkoch (Ibrahim, 2016)

*Lactocaseibacillus rhamnosus* je probiotická baktéria, ktorá sa nachádza v ústach a črevách, ale aj vo fermentovaných potravinách. Pomáha absorbovať živiny a bojovať proti škodlivým mikroorganizmom. Niektoré jej kmene sa pridávajú do fermentovaných potravín a nachádzajú sa aj v probiotických doplnkoch (Omori, 2020).

*Lactocaseibacillus paracasei* je probiotická baktéria nachádzajúca sa v ústnej dutine, ale aj vo fermentovaných a mliečnych výrobkoch, kde sa bežne pridáva a tiež sa nachádza v probiotických doplnkoch stravy (Douwenga, 2021).

*Lactiplantibacillus plantarum* je probiotická baktéria, ktorá sa nachádza v ústach a črevách, no tiež aj vo fermentovaných potravinách. Fylogeneticky blízkymi druhmi sú aj *Lactiplantibacillus paraplantarum* a *L. pentosus*. (Zotta et al., 2022).

*Oenococcus oeni* (predtým *Leuconostoc oeni*) patrí medzi baktérie mliečného kvasenia, je potrebný pri výrobe vína a jablčného muštu, nakoľko sa spája s jablčno-mliečnou fermentáciou (Funel, 2014).

*Lactococcus garvieae* spôsobuje ochorenie – streptokózu u rýb a konzumáciou takejto ryby je možnosť prenosu infekcie na človeka (Carrias, 2012).

*Lactococcus lactis* sa už po stáročia používa pri fermentácii potravín, najmä syrov, jogurtov a kyslej kapusty a všeobecne sa považuje za bezpečnú BMK a okrem toho, že dodáva chuť, tak produkuje aj kyselinu mliečnu a tá konzervuje potraviny. Táto baktéria sa preslávila aj ako prvý geneticky modifikovaný organizmus, ktorý sa začal používať pri liečbe ľudských chorôb (Song, 2017).

*Lactococcus lactis* subsp. *lactis* sa využíva ako štartovacia kultúra pri výrobe syra a masla a jeho vlastnosti sú dôležité aj pre zlepšenie kvality fermentovaných mliečnych výrobkov (Li, 2020).

*Weissella viridescens* môže spôsobiť škody v mäsovom priemysle, pretože tvorí sliz a spôsobuje ozelenenie výrobkov (Dušková a kol., 2013).

*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *lactis* sa využíva ako štartovacia kultúra pri výrobe tvrdých syrov. Nachádza sa v surovom mlieku, rastie v syroch počas zrenia a môže sa pridávať vo veľkých koncentráciách s okysľujúcimi štartovacími kultúrami (Buchin, 2017).

*Latilactobacillus sakei* je druh baktérie, ktorý je schopný produkovať z cukrov alkohol alebo kyselinu mliečnu a používa sa ako štartovacia kultúra na výrobu tradičnej suchej klobásy a tiež sa dá využiť na konzerváciu čerstvého mäsa (Barbieri, 2022, Lorenzo, 2018).

*Levilactobacillus brevis* je probiotická baktéria a tiež sa niekedy pridáva do fermentovaných potravín (Wilson, 2019).

*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* má dôležitú úlohu pri fermentácii potravín a spôsobuje charakteristické zmeny chuti a tiež má konzervačný účinok na fermentovaný produkt. Typickým mliečnym fermentovaným výrobkom, pri ktorom sa uplatňuje spolu s baktériou *Streptococcus thermophilus* aj *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* je jogurt (Teixeira, 2014).

*Weissella confusa* produkuje dextrán v pšeničných otrubách a ten pôsobí ako hydrokoloid a zlepšuje kvalitu pšeničného chleba s vysokým obsahom vlákniny (Curuti, 2019).

*Limosilactobacillus fermentum* je probiotická baktéria a niekedy sa pridáva do fermentovaných potravín a tiež sa nachádza aj v doplnkoch stravy (Omori, 2020).

*Ligilactobacillus salivarius* je probiotická baktéria a mnohé jej kmene majú vlastnosti, ktoré majú zdravotné výhody ako napr. antimikrobiálna aktivita, imunologické účinky.

*Lentilactobacillus kefir* patrí medzi baktérie mliečneho kvasenia a používa sa vo fermentovaných mliečnych výrobkoch, hlavne v kefir a tam prispievajú k syntéze kyseliny mliečnej, alkoholu, oxidu uhličitého a sensorických zlúčenín (Ibrahim, 2016).

#### 4.5 Rod *Arcobacter*

Do rodu *Arcobacter*, ktorý patrí do čeľade *Arcobacteraceae* patria G-, špirálovité, aerotolerantné baktérie, z ktorých má väčšina zakrivený tvar a niektoré z nich sú ľudské a zvieracie patogény. Rod *Arcobacter* bol vyčlenený z rodu *Campylobacter* a rozdielom je, že zástupcovia rodu *Arcobacter* môžu rásť pri nižších teplotách a tiež aj vo vzduchu, čo zástupcovia rodu *Campylobacter* nemôžu. Zatiaľ sú mechanizmy patogenity tohto rodu málo popísané, no zistilo sa, že hospodárske zvieratá môžu byť významným rezervoárom týchto baktérií, a preto sa môže vyskytovať aj v potravinách, a to v surových mäsových výrobkoch, no tiež aj v povrchových a podzemných vodách (Wesley, 1999).

Tabuľka 5 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodu *Arcobacter*

Pôvodný druh	Nový druh	Zdroj
<i>Arcobacter haliotis</i>	<i>Arcobacter lekithochrous</i>	Diéguez et al. 2017
<i>Aliarcobacter butzleri</i>	<b><i>Arcobacter butzleri</i></b>	Vandamme et al. 1992
<i>Aliarcobacter cibarius</i>	<b><i>Arcobacter cibarius</i></b>	Houf et al. 2005
<i>Aliarcobacter cryaerophilus</i>	<b><i>Arcobacter cryaerophilus</i></b>	Vandamme et al. 1991
<i>Aliarcobacter faecis</i>	<b><i>Arcobacter faecis</i></b>	Whiteduck-Léveillé et al. 2019
<i>Aliarcobacter lanthieri</i>	<b><i>Arcobacter lanthieri</i></b>	Whiteduck-Léveillé et al. 2015
<i>Aliarcobacter skirrowii</i>	<b><i>Arcobacter skirrowii</i></b>	Vandamme et al. 1992
<i>Aliarcobacter thereius</i>	<b><i>Arcobacter thereius</i></b>	Houf et al. 2009
<i>Aliarcobacter trophiarum</i>	<i>Arcobacter trophiarum</i>	De Smet et al. 2011
<i>Aliarcobacter vitoriensis</i>	<b><i>Arcobacter vitoriensis</i></b>	On et al. 2021
<i>Halarcobacter anaerophilus</i>	<i>Arcobacter anaerophilus</i>	Sasi Jyothsna et al. 2013
<i>Halarcobacter bivalviorum</i>	<b><i>Arcobacter bivalviorum</i></b>	Levican et al. 2012
<i>Halarcobacter ebronensis</i>	<i>Arcobacter ebronensis</i>	Levican et al. 2015
<i>Pseudarcobacter aquimarinus</i>	<i>Arcobacter aquimarinus</i>	Levican et al. 2015
<i>Pseudarcobacter cloacae</i>	<b><i>Arcobacter cloacae</i></b>	Levican et al. 2013
<i>Pseudarcobacter defluvii</i>	<i>Arcobacter defluvii</i>	Collado et al. 2011
<i>Pseudarcobacter ellisii</i>	<i>Arcobacter ellisii</i>	Figueras et al. 2011
<i>Pseudarcobacter suis</i>	<b><i>Arcobacter suis</i></b>	Levican et al. 2013
<i>Pseudarcobacter venerupis</i>	<i>Arcobacter venerupis</i>	Levican et al. 2012

*Arcobacter butzleri* je patogén, ktorý sa často vyskytuje v potravinách a predstavuje riziko pre bezpečnosť potravín. V potravinovom reťazci sa môže nachádzať v ktorejkoľvek fáze, od farmy až po stôl a za najpravdepodobnejšiu cestu prenosu tohto agens na človeka sa považuje požitie kontaminovanej potravy alebo vody. Prežiť môže v surovom mletom bravčovom a kuracom mäse, vákuovo balenom hovädzom mäse, mlieku a v syre pri skladovaní (Ferreira, 2019).

*Arcobacter cibarius* a *Arcobacter suis* boli izolované z jatočných tiel brojlerov a z bravčového mäsa a obe tieto baktérie sú potenciálnymi patogénmi pre človeka (Wesley, 1999).

*Arcobacter cryaerophilus* sa považuje za nový enteropatogén a potenciálny zoonotický agens prenášaný potravou a vodou a spôsobiť u ľudí môže problémy s tráviacim ústrojenstvom, napr. vodnatú hnačku alebo enteritídu (Barboza, 2017).

*Arcobacter skirrowii* a *Arcobacter thereius* sú tiež patogénne baktérie, ktoré spôsobujú hnačky a k infekcii môže prísť krížovou kontamináciou pri manipulácii s potravinami,

konzumáciou kontaminovaných potravín živočíšneho pôvodu, kontaminovanou pitnou vodou alebo priamou kontamináciou stolicou (Barboza, 2017).

*Arcobacter faecis* a *Arcobacter lanthieri* sú nové druhy rodu *Arcobacter* a štúdie naznačujú, že oba tieto druhy môžu predstavovať zdravotné riziko pre ľudí a zvieratá (Zambri, 2019).

*Arcobacter vitoriensis* je patogénna baktéria, ktorá ako ostatné druhy môže spôsobiť zažívacie ťažkosti a objavená bola v mrkve a komunálnych odpadových vodách (Alonso, 2020).

*Arcobacter bivalviorum* a *Arcobacter cloacae* sú zoonotické patogénne baktérie, ktoré sa prenášajú potravinami (Ramees, 2017).



## ZÁVER

Tak, ako samotný názov bakalárskej práce hovorí, tak hlavným jej cieľom bolo zamerať sa na zmeny v taxonómii potravinársky významných grampozitívnych a gramnegatívnych baktérií. Týmto zmenám sa venuje posledná, štvrtá kapitola. Pri jej spracovaní sme vychádzali z elektronickej databázy LPSN - List of Prokaryotic names with standing in Nomenclature (čo možno preložiť ako „Zoznam názvov prokaryotických organizmov a ich postavenie v nomenklatúre“), ktorá bola založená v r. 1997, je možné si v nej pozrieť presné zaradenie do taxonomického systému a to ktoréhokolvek prokaryotického organizmu a okrem toho táto databáza zaznamenáva všetky zmeny v taxonómii prokaryotov, ktoré sa dejú veľmi často. Z grampozitívnych baktérií sme sa venovali zmenám v taxonómii v rode *Clostridium* a novo popísaným druhom baktérií, ktoré boli z neho vyčlenené, pretože tento rod zahŕňa okrem patogénov aj potravinársky dôležité mikroorganizmy, mnohé z nich sú v potravinárstve nežiaduce a spôsobujú kontamináciu potravín. Ďalším pre potravinárstvo významným grampozitívnym rodom, v ktorom nastali zmeny v taxonómii je rod *Bacillus*, a tento zahŕňa veľmi významné baktérie, ktoré sa využívajú pri výrobe fermentovaných mliečnych výrobkov alebo pri výrobe jogurtov, syrov a fermentovaných mäsových výrobkov. Novo popísané významné potravinárske grampozitívne druhy baktérií boli vyčlenené aj z rodov baktérií mliečneho kvasenia, ktoré sa uplatňujú v mliekarenskom priemysle, pri konzervovaní potravín a využívajú sa aj pri výrobe rôznych výživových doplnkov.

Z gramnegatívnych baktérií sme sa v bakalárskej práci zamerali na rad *Enterobacterales*, ktorý zahŕňa viaceré čeľade, kde patria patogénne baktérie a baktérie, ktoré kontaminujú potraviny. Zaujímavým gramnegatívnym rodom je rod *Arcobacter*, ktorý bol vyčlenený v r. 1991 z rodu *Campylobacter* a gramnegatívne *Arcobacter*-like druhy, ktoré boli prvýkrát izolované v r. 1977.

V závere je možné konštatovať, že zmeny v taxonómii baktérií a reklasifikácia sa dejú často, sú objavované nové druhy baktérií a izolované nové kmene a z pôvodných rodov sa vyčleňujú na základe podobných vlastností nové rody. Tiež môžeme konštatovať, že baktérie sú z hľadiska potravinárstva veľmi významné, nakoľko sa uplatňujú v mliekarenskom priemysle, v mäsovom priemysle, pri výrobe fermentovaných výrobkov a v mnohých iných smeroch, ale niektoré z nich majú v potravinárstve aj negatívny význam, pretože kontaminujú a znehodnocujú potraviny alebo pôsobia ako ľudské patogény.

**ZOZNAM POUŽITEJ LITERATURY**

ABBASILIASI, S. et al., 2017. In vitro assessment of *Pediococcus acidilactici* Kp10 for its potential use in the food industry. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://link.springer.com/article/10.1186/s12866-017-1000-z>

ADEOLU et al., 2016. Genome-based phylogeny and taxonomy of the 'Enterobacteriales': proposal for *Enterobacterales* ord. nov. divided into the families *Enterobacteriaceae*, *Erwiniaceae* fam. nov., *Pectobacteriaceae* fam. nov., *Yersiniaceae* fam. nov., *Hafniaceae* fam. nov., *Morganellaceae* fam. nov., and *Budviciaceae* fam. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2016; 66:5575-5599. [online].[cit.2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/family/enterobacteriaceae>

AHMED, I, et al. Proposal of *Lysinibacillus boronitolerans* gen. nov. sp. nov., and transfer of *Bacillus fusiformis* to *Lysinibacillus fusiformis* comb. nov. and *Bacillus sphaericus* to *Lysinibacillus sphaericus* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2007; 57:1117-1125. [online].[cit. 2024-02-03]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lysinibacillus-fusiformis>

ALNAJAR, S, et al. Phylogenomics and comparative genomic studies delineate six main clades within the family Enterobacteriaceae and support the reclassification of several polyphyletic members of the family. *Infect Genet Evol* 2017; 54:108-127. [online].[cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/pseudescherichia-vulneris>

ALONSO, Rodrigo et al. *Aliarcobacter vitoriensis* sp. nov., isolated from carrot and urban wastewater. *Systematic and Applied Microbiology* [online]. July 2020, [cit. 2023-03-07]. ISSN 1618-0984. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0723202020300424>

ANDREWES, FW, HORDER, TJ. A study of the streptococci pathogenic for man. *Lancet* 1906; 2:708-713. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/streptococcus-equinus>

ASH, C, et al. Molecular identification of rRNA group 3 bacilli (Ash, Farrow, Wallbanks and Collins) using a PCR probe test. Proposal for the creation of a new genus *Paenibacillus*. *Antonie Van Leeuwenhoek* 1993; 64:253-260. [online].[cit. 2024-02-03]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/paenibacillus-validus>

BARBIERI, Federica et al., 2022. Insights into the Metabolomic Diversity of *Lactobacillus sakei*, [online]. [cit. 2023-02-28]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8834233/>

BARBOSA, J. et al., 2015. *Pediococcus acidilactici* as a potential probiotic to be used in food industry. *International Journal of Food Science & Technology* [online]. February 2015, vol. 50, [cit. 2024-02-19]. Dostupné z [https://www.researchgate.net/publication/273068108\\_Pediococcus\\_acidilactici\\_as\\_a\\_potential\\_probiotic\\_to\\_be\\_used\\_in\\_food\\_industry](https://www.researchgate.net/publication/273068108_Pediococcus_acidilactici_as_a_potential_probiotic_to_be_used_in_food_industry)

BARBOZA, Karol et al., 2017. First isolation report of *Arcobacter cryaerophilus* from a human diarrhea sample in Costa Rica, [online]. [cit. 2023-03-02]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5679684/>

- BARKER, HA, 1938. The fermentation of definite nitrogenous compounds by members of the genus *Clostridium*. *Journal of Bacteriology*; pages 322-323. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/clostridium-acidurici>
- BEIJERINCK, MW. Über die Arten der Essigbakterien. *Zentralblatt für Bakteriologie, Parasitenkunde, Infektionskrankheiten und Hygiene, Abteilung II* 1898; 4:209-216. [online].[cit. 2024-02-23]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/acetobacter-aceti>
- BENNETT, E. John, 2020. Brain Abscess, [online].[cit. 2023-03-01]. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/medicine-and-dentistry/citrobacter-koseri>
- BENNETT, E. John, 2020. Typhoid Fever, Paratyphoid Fever, and Typhoidal Fevers, [online].[cit. 2023-03-01]. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/immunology-and-microbiology/salmonella-enterica>
- BENITO-VAQUERIZO, Sara et al. Genome-scale metabolic modelling enables deciphering ethanol metabolism via the acrylate pathway in the propionate-producer *Anaerotignum neopropionicum*. *Journal Microbial Cell Factories* 21 [online]. June 2022, vol. 116, [cit. 2023-03-01]. ISSN 1475-2859. Dostupné z <https://microbialcellfactories.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12934-022-01841-1>
- BERGEY, DH, et al., 1939. *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*, 5th ed. The Williams & Wilkins Co, Baltimore, 1939. [online].[cit. 2024-02-06]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/clostridium-felsineum>
- BERINSON, Benjamin et al., 2020. Identification of *Kosakonia cowanii* as a rare cause of acute cholecystitis: case report and review of the literature, [online].[cit. 2023-03-02]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7245821/>
- BESSER, J. et al., 2018. Next-generation sequencing technologies and their application to the study and control of bacterial infections. [online].[cit. 2024-05-02]. Dostupné z <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29074157/>
- BETINA, Vladimír a NEMEC, Pavel. *Všeobecná mikrobiológia*. Vydanie I. Bratislava: ALFA, Vydavateľstvo technickej a ekonomickej literatúry, 1977. ISBN 63-557-77.
- BILKOVÁ, Andrea a kol., 2011. Bakteriocíny produkované baktériami mliečneho kvasenia. *Česká a slovenská farmacie*, [online]. Február 2011, [cit. 2023-02-25]. Dostupné z <https://www.prolekare.cz/casopisy/ceska-slovenska-farmacie/2011-2/bakteriociny-produkovane-bakteriami-mliecneho-kvasenia-35023>
- BIZIO, B. Lettera di Bartolomeo Bizio al chiarissimo canonico Angelo Bellani sopra il fenomeno della polenta porporina. *Biblioteca Italiana o sia Giornale di Letteratura, Scienze e Arti* (Anno VIII) 1823; 30:275-295. [online].[cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/serratia-marcescens>
- BOWMAN JP, et al., 1993. *Telluria mixta* (*Pseudomonas mixta* Bowman, Sly, and Hayward 1988) gen. nov., comb. nov., and *Telluria chitinolytica* sp. nov., soil-dwelling organisms which actively degrade polysaccharides. *Int J Syst Bacteriol* 1993; 43:120-124. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/telluria-mixta>
- BRADY, C, et al. Taxonomic evaluation of the genus *Enterobacter* based on multilocus sequence analysis (MLSA): proposal to reclassify *E. nimipressuralis* and *E. amnigenus* into *Lelliottia* gen. nov. as *Lelliottia nimipressuralis* comb. nov. and *Lelliottia amnigena* comb.

nov., respectively, *E. gergoviae* and *E. pyrinus* into *Pluralibacter* gen. nov. as *Pluralibacter gergoviae* comb. nov. and *Pluralibacter pyrinus* comb. nov., respectively, *E. cowanii*, *E. radicincitans*, *E. oryzae* and *E. arachidis* into *Kosakonia* gen. nov. as *Kosakonia cowanii* comb. nov., *Kosakonia radicincitans* comb. nov., *Kosakonia oryzae* comb. nov. and *Kosakonia arachidis* comb. nov., respectively, and *E. turicensis*, *E. helveticus* and *E. pulveris* into *Cronobacter* as *Cronobacter zurichensis* nom. nov., *Cronobacter helveticus* comb. nov. and *Cronobacter pulveris* comb. nov., respectively, and emended description of the genera *Enterobacter* and *Cronobacter*. *Syst Appl Microbiol* 2013; 36:309-319. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/kosakonia-cowanii>

BREED, RS. *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*, 6th ed. The Williams & Wilkins Co, Baltimore, 1948. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/serratia-plymuthica>

BREED RS. The *Brevibacteriaceae* fam. nov. of order Eubacteriales. *Riassunti delle Comunicazione VI. Congresso Internazionale di Microbiologia, Roma 1953*; 1:13-14. [online].[cit. 2024-02-24]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/brevibacterium-linens>

BRENNER, DJ, et al. Deoxyribonucleic acid relatedness in species of *Proteus* and *Providencia*. *International Journal of Systematic Bacteriology* 1978; 28:269-282. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/providencia-retti>

BRISSE, S, et al. Description of *Klebsiella quasipneumoniae* sp. nov., isolated from human infections, with two subspecies, *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *quasipneumoniae* subsp. nov. and *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *similipneumoniae* subsp. nov., and demonstration that *Klebsiella singaporensis* is a junior heterotypic synonym of *Klebsiella variicola*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2014; 64:3146-3152. [online].[cit. 2024-02-15]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/klebsiella-quasipneumoniae-similipneumoniae>

BROUGHTON J., Delves, 2014. BACTERIA | Nisin in *Encyclopedia of Food Microbiology* (2nd Edition), p. 187 - 193. [online].[cit. 2023-02-26]. ISBN 978-0-12-384733-1. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/thermoanaerobacterium-thermosaccharolyticum>

BUCHIN, Solange et al., 2017. *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *lactis* as a starter culture significantly affects the dynamics of volatile compound profiles of hard cooked cheeses. *European Food Research and Technology* [online]. May 2017, [cit. 2023-03-04]. ISSN 1438-2385. Dostupné z <https://link.springer.com/article/10.1007/s00217-017-2899-x#citeas>

BURSOVÁ, Šárka a kol. Brno. *Mikrobiologické laboratorní metody. Veterinární a farmaceutická univerzita*, 2014. ISBN 978-80-730-5676-6.

CAGNO, R, et al., 2011. Lactic Acid Bacteria | *Lactobacillus* spp.: *Lactobacillus helveticus* in *Encyclopedia of Food Microbiology* (Second Edition). [online].[cit. 2024-02-08]. ISBN 978-0-12-384733-1. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/lactobacillus-helveticus>

CAO, Yu et al., 2017. A Review on the Applications of Next Generation Sequencing Technologies as Applied to Food-Related Microbiome Studies. [online].[cit. 2024-05-04]. ISBN 978-0-85709-016-4. Dostupné z <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29033905/>

CARRIER, JP, et al., 2010. Proposal to unify *Clostridium orbiscindens* Winter et al. 1991 and *Eubacterium plautii* (Seguin 1928) Hofstad and Aasjord 1982, with description of *Flavonifractor plautii* gen. nov., comb. nov., and reassignment of *Bacteroides capillosus* to *Pseudoflavonifractor capillosus* gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2010; 60:585-590. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/flavonifractor-plautii>

CARRIAS, A. et al., 2012. Bacteria and bacteriophages as biological agents for disease control in aquaculture in *Infectious Disease in Aquaculture*. [online].[cit. 2023-03-04]. ISBN 978-0-85709-016-4. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/lactococcus-garvieae>

CASTELLANI, A., et al. 1919. *Manual of Tropical Medicine*, 3rd ed. Williams Wood and Co., New York, 1919. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/shigella-dysenteriae>

CIHAN COLERI, Arzu et al., 2012. The genetic diversity of genus *Bacillus* and the related genera revealed by 16s rRNA gene sequences and ardra analyses isolated from geothermal regions of Turkey. *Brazilian Journal of Microbiology* [online]. June 2012, [cit. 2023-02-22]. ISSN 1678-4405. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3768990/>

COLLINS, MD, et al. The phylogeny of *Aerococcus* and *Pediococcus* as determined by 16S rRNA sequence analysis: description of *Tetragenococcus* gen. nov. *FEMS Microbiol Lett* 1990; 58:255-262. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/tetragenococcus-halophilus>

COLLINS, MD, et al., 1994. The phylogeny of the genus *Clostridium*: proposal of five new genera and eleven new species combinations. *Int J Syst Bacteriol* 1994; 44:812-826. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/paenibacillus-durus>

COLLINS, MD, et al. *Enterococcus avium* nom. rev., comb. nov.; *E. casseliflavus* nom. rev., comb. nov.; *E. durans* nom. rev., comb. nov.; *E. gallinarum* comb. nov.; and *E. malodoratus* sp. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1984; 34:220-223. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/enterococcus-casseliflavus>

COLWELL, R. R. Viable but nonculturable bacteria: a survival strategy. In *Journal of infektion and chemotherapy*. ISSN 1341-321X, 2000, vol. 6, no. 2.

COSENZA, BJ, et al. A new species of *Proteus* isolated from larvae of the gypsy moth *Porthetria dispar* (L.). *Antonie Van Leeuwenhoek* 1966; 32:187-191. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/proteus-myxofaciens>

CRUZ-MORALES, Pablo et. al., 2019. Revisiting the Evolution and Taxonomy of *Clostridia*, a Phylogenomic Update, [online].[cit. 2023-02-20]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6656338/>

CSUTAK, Ortansa et al., 2018. *Genetically Engineered Foods*. [online].[cit. 2024-02-21]. ISBN 978-0-12-811519-0. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/book/9780128115190/genetically-engineered-foods>

CURUTIU, Carmen et al., 2019. Main Microbiological Pollutants of Bottled Waters and Beverages in Bottled and Packaged Water. [online].[cit. 2023-03-01]. ISBN 978-0-12-

815272-0. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/weissella-confusa>

ČAKAJDOVÁ, M. *Využití molekulárně biologických metod při identifikaci mikroorganismů v potravinových matricích*: bakalárska práca. Brno: Vysoké učení technické v Brne, 2013.

ČIKOŠ a kol., 2008. Transformation of real-time PCR fluorescence data to target gene quantity. [online].[cit. 2024-03-28]. Dostupné z [https://www.researchgate.net/publication/23277194\\_Transformation\\_of\\_real-time\\_PCR\\_fluorescence\\_data\\_to\\_target\\_gene\\_quantity](https://www.researchgate.net/publication/23277194_Transformation_of_real-time_PCR_fluorescence_data_to_target_gene_quantity)

DAS, Nilanjana, 2022. Probiotics in the prevention and treatment of infections with *Helicobacter pylori*, Enterohemorrhagic *Escherichia coli*, and Rotavirus in Probiotics in the Prevention and Management of Human Diseases. [online].[cit. 2023-02-28]. ISBN 978-0-12-823733-5. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/leuconostoc-citreum>

DE, LEYJ. Comparative carbohydrate metabolism and a proposal for a phylogenetic relationship of the acetic acid bacteria. *J Gen Microbiol* 1961; 24:31-50. [online].[cit. 2024-02-25]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/gluconobacter-oxydans>

DICKEY, RS, et al. Emended description of *Enterobacter cancerogenus* comb. nov. (formerly *Erwinia cancerogena*). *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1988; 38:371-374. [online].[cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/enterobacter-cancerogenus>

DICKS, LM, et al. Proposal to reclassify *Leuconostoc oenos* as *Oenococcus oeni* [corrig.] gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Bacteriol* 1995; 45:395-397. [online].[cit. 2024-02-08] Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/oenococcus-oeni>

DOUWENGA, Sieze et al., 2021. Stationary *Lactococcus cremoris*: Energetic State, Protein Synthesis Without Nitrogen and Their Effect on Survival, [online]. [cit. 2023-02-26]. Dostupné z <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2021.794316/full>

DRAKE L., Harold a DANIEL L., Steven, 2004. Physiology of the thermophilic acetogen *Moorella thermoacetica* in *Research in Microbiology*. [online]. December 2004, vol. 155, [cit. 2023-02-28]. ISSN 0923-2508. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0923250804002372>

DRANCOURT, M, et al. Phylogenetic analyses of *Klebsiella* species delineate *Klebsiella* and *Raoultella* gen. nov., with description of *Raoultella ornithinolytica* comb. nov., *Raoultella terrigena* comb. nov. and *Raoultella planticola* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2001; 51:925-932. [online].[cit. 2024-02-06]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/raoultella-planticola>

DUDRÍKOVÁ, Eva a PAŽÁKOVÁ, Jana. *Technológia výroby, bezpečnosť a kvalita mlieka a mliečnych výrobkov pre magistrov*. Košice: Univerzita veterinárneho lekárstva v Košiciach, 2014. ISBN 978-80-807-7447-9.

DUŠKOVÁ, Marta a kol., 2013. *Weissella viridescens* in meat products – A review, [online].[cit. 2023-02-28]. Dostupné z [https://www.researchgate.net/publication/269800044\\_Weissella\\_viridescens\\_in\\_meat\\_products\\_-\\_A\\_review](https://www.researchgate.net/publication/269800044_Weissella_viridescens_in_meat_products_-_A_review)

ENDO, A, OKADA, S. Reclassification of the genus *Leuconostoc* and proposals of *Fructobacillus fructosus* gen. nov., comb. nov., *Fructobacillus durionis* comb. nov., *Fructobacillus ficulneus* comb. nov. and *Fructobacillus pseudoficulneus* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2008; 58:2195-2205. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/fructobacillus-durionis>

EVANS, AC. The bacteria of milk freshly drawn from normal udders. *Journal of Infectious Diseases* 1916; 18:437-476. [online].[cit. 2024-02-25]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/staphylococcus-epidermidis>

EWING, WH, 1962. The tribe Proteae: its nomenclature and taxonomy. *International Bulletin of Bacteriological Nomenclature and Taxonomy* 1962; 12:93-102. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/providencia-alcalifaciens>

EWING, WH, et al., 1965. *Edwardsiella*, a new genus of Enterobacteriaceae based on a new species, *E. tarda*. *International Bulletin of Bacteriological Nomenclature and Taxonomy* 1965; 15:33-38. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/edwardsiella-tarda>

EWING, WH, et al. Biochemical characterization of *Serratia liquefaciens* (Grimes and Hennerty) Bascomb et al. (formerly *Enterobacter liquefaciens*) and *Serratia rubidaea* (Stapp) comb. nov. and designation of type and neotype strains. *International Journal of Systematic Bacteriology* 1973; 23:217-225. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/serratia-rubidaea>

FARROW, JA, et al. Nucleic acid homologies of some vancomycin-resistant leuconostocs and description of *Leuconostoc citreum* sp. nov. and *Leuconostoc pseudomesenteroides* sp. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1989; 39:279-283. [online].[cit. 2024-02-07]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/leuconostoc-citreum>

FARROW, JA, COLLINS, MD. DNA base composition, DNA-DNA homology and long-chain fatty acid studies on *Streptococcus thermophilus* and *Streptococcus salivarius*. *J Gen Microbiol* 1984; 130:357-362. [online].[cit. 2024-02-07]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/streptococcus-salivarius-thermophilus>

FENOLLAR, F. et al. Analysis of 525 Samples To Determine Usefulness of PCR Amplification and Sequencing of the 16S r RNA Gene for Diagnosis of Bone and Joint Infections. In *Journal of clinical mikrobiology*. ISSN 1098-660X, 2006, vol. 44, no. 3.

FERREIRA, Susana et al., 2019. Current insights on *Arcobacter butzleri* in food chain. *Current Opinion in Food Science* [online]. April 2019, [cit. 2023-03-08]. ISSN 2214-8000. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S2214799318301280?via%3Dihub>

FERENČÍK, M. *Imunochémia*. Bratislava: Alfa, 1989. ISBN 978-80-050-0043-0.

FORTINA, MG, et al. Molecular analysis of artisanal Italian cheeses reveals *Enterococcus italicus* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2004; 54:1717-1721. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/enterococcus-italicus>

FREDERIKSEN, W. *Citrobacter koseri* (n. sp.), a new species within the genus *Citrobacter*, with a comment on the taxonomic position of *Citrobacter intermedium* (Werkman and Gillen). Publication of the Faculty of Sciences University, J. E. Purkyne, Brno 1970; 47:89-94. [online].[cit. 2024-02-18]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/citrobacter-koseri>

FULON, M. The Identity of *Bacterium Columbensis* Castellani. *J Bacteriol* 1943; 46:79-82. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/morg-anella-morganii>

FUNEL-LONVAUD, A., 2014. *Lauconostocaceae* Family in *Encyclopedia of Food Microbiology* (Second Edition). [online].[cit. 2023-03-02]. ISBN 978-0-12-384733-1. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/oenococcus-oeni>

GAPLOVSKÝ, M. – GAPLOVSKÁ – KYSELÁ, K. Princípy nových metód sekvenovania DNA. In *Chemické listy*. ISSN 1213-7103, 2012, roč. 106, č. 9.

GARVIE, EI. The genus *Leuconostoc* and its nomenclature. *Journal of Dairy Research* 1960; 27:283-292. [online].[cit. 2024-02-10]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/leuconostoc-lactis>

GARVIE, EI. *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *cremoris* (Knudsen and Sørensen) comb. nov. and *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *dextranicum* (Beijerinck) comb. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1983; 33:118-119. [online].[cit. 2024-02-10]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/leuconostoc-mesenteroides-cremoris>

GARVIE, EI. *Leuconostoc oenos* sp. nov. *J Gen Microbiol* 1967; 48:431-438. [online].[cit. 2024-02-10]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/leuconostoc-oeni>

GAVINI, F, et al. *Serratia fonticola*, a new species from water. *International Journal of Systematic Bacteriology* 1979; 29:92-101. [online].[cit. 2024-02-10]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/serratia-fonticola>

GAVINI, F, et al. Transfer of *Enterobacter agglomerans* (Beijerinck 1888) Ewing and Fife 1972 to *Pantoea* gen. nov. as *Pantoea agglomerans* comb. nov. and description of *Pantoea dispersa* sp. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1989; 39:337-345. [online].[cit. 2024-02-18]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/pantoea-agglomerans>

GERRITSEN, J, et al. Characterization of *Romboutsia ilealis* gen. nov., sp. nov., isolated from the gastro-intestinal tract of a rat, and proposal for the reclassification of five closely related members of the genus *Clostridium* into the genera *Romboutsia* gen. nov., *Intestinibacter* gen. nov., *Terrisporobacter* gen. nov. and *Asaccharospora* gen. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2014; chapter 64, pages 1600-1616. [online].[cit. 2024-02-02]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/intestinibacter-bartlettii>

GLAESER, SP, et al. *Fictibacillus phosphorivorans* gen. nov., sp. nov. and proposal to reclassify *Bacillus arsenicus*, *Bacillus barbaricus*, *Bacillus macauensis*, *Bacillus nanhaiensis*, *Bacillus rigui*, *Bacillus solisalsi* and *Bacillus gelatini* in the genus *Fictibacillus*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2013; 63:2934-2944. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/fictibacillus-gelatini>



GOODSIR, J. History of a case in which a fluid periodically ejected from the stomach contained vegetable organisms of an undescribed form. *Edinburgh Medical Surgery Journal* 1842; 57:430-443. [online].[cit. 2024-02-02]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/sarcina-ventriculi>

GÖRNER, Fridrich a VALÍK, Lubomír. *Aplikovaná mikrobiológia poživatin: princípy mikrobiologie poživatin, potravinársky významné mikroorganizmy a ich skupiny, mikrobiológia potravinárskych výrob, ochorenia mikrobiálneho pôvodu, ktorých zárodoky sú prenášané poživatinami*. Bratislava: Malé centrum, 2004. I. Vyd. ISBN 80-967-0649-7.

GU, CT, et al. *Enterobacter xiangfangensis* sp. nov., isolated from Chinese traditional sourdough, and reclassification of *Enterobacter sacchari* Zhu et al. 2013 as *Kosakonia sacchari* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2014; 64:2650-2656. [online].[cit. 2024-02-18]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/kosakonia-sacchari>

GUPTA, RS, et al., 2020. Robust demarcation of 17 distinct *Bacillus* species clades, proposed as novel *Bacillaceae* genera, by phylogenomics and comparative genomic analyses: description of *Robertmurraya kyonggiensis* sp. nov. and proposal for an emended genus *Bacillus* limiting it only to the members of the *Subtilis* and *Cereus* clades of species. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020; 70:5753-5798. [online].[cit. 2024-02-06]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/ferdinandcohnia-aciditolerans>

HAAS, KN, BLANCHARD, JL, 2020. Reclassification of the *Clostridium clostridioforme* and *Clostridium sphenoides* clades as *Enterocloster* gen. nov. and *Lacrimispora* gen. nov., including reclassification of 15 taxa. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020; 70:23-34. [online].[cit. 2024-02-02]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lacrimispora-aerotolerans>

HANDLEY, P, et al. *Streptococcus crista* sp. nov., a viridans streptococcus with tufted fibrils, isolated from the human oral cavity and throat. *Int J Syst Bacteriol* 1991; 41:543-547. [online].[cit. 2024-02-05]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/streptococcus-cristatus>

HALPERN, M. et al. Transfer of *Pseudomonas flectens* Johnson 1956 to *Phaseolibacter* gen. nov., in the family *Enterobacteriaceae*, as *Phaseolibacter flectens* gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2013; 63:268-273. [online].[cit. 2024-02-14]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/phaseolibacter-flectens>

HALAMA, Dušan a kol. *Technická mikrobiológia*. Bratislava: Slovenské vydavateľstvo technickej literatúry, 1967. ISBN 63-004-68.

HAMPL, Bohuš. *Potravinárska mikrobiologie*. Vydání I. Praha: SNTL – Nakladatelství technické literatury, Nakladatelství ALFA, 1968. ISBN 04-806-69.

HAO, D. Ch., et al., 2015. *Medicinal Plants: Chemistry, Biology and Omics*. [online].[cit. 2024-05-01]. ISBN 978-0-08-100085-4. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/book/9780081000854/medicinal-plants#book-info>

HATAYAMA, K, et al. *Tuberibacillus calidus* gen. nov., sp. nov., isolated from a compost pile and reclassification of *Bacillus naganensis* Tomimura et al. 1990 as *Pullulanibacillus naganensis* gen. nov., comb. nov. and *Bacillus laevolacticus* Andersch et al. 1994 as *Sporolactobacillus laevolacticus* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2006; 56:2545-2551.

[online].[cit. 2024-02-05]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/sporolactobacillus-laevolacticus>

HAUBEN, L, et al. Phylogenetic position of phytopathogens within the Enterobacteriaceae. *Syst Appl Microbiol* 1998; 21:384-397. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/brenneria-alni>

HEYNDRICK, M, et al. A polyphasic reassessment of the genus *Aneurinibacillus*, reclassification of *Bacillus thermoaerophilus* (Meier-Stauffler et al. 1996) as *Aneurinibacillus thermoaerophilus* comb. nov., and emended descriptions of *A. aneurinilyticus* corrig., and *A. migulanus*, and *A. thermoaerophilus*. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1997; 47:808-817. [online].[cit. 2024-02-05]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/aneurinibacillus-thermoaerophilus>

HOFFMANN, H, et al. Reassignment of *Enterobacter dissolvens* to *Enterobacter cloacae* as *E. cloacae* subspecies *dissolvens* comb. nov. and emended description of *Enterobacter asburiae* and *Enterobacter kobei*. *Syst Appl Microbiol* 2005; 28:196-205. [online].[cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/enterobacter-cloacae-dissolvens>

HOLDEMAN, LV, et al., 1970. Clostridia. In: Cato EP, Cummins CS, Holdeman LV, Johnson JL, Moore WEC, Smibert RM, Smith LDS (eds), *Outline of Clinical Methods in Anaerobic Bacteriology*, 2nd revision, Virginia Polytechnic Institute - Anaerobe Laboratory, Blacksburg/Virginia, 1970, p. 57-66. [online].[cit. 2024-02-05]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/clostridium-baratii>

HOLLAND, R. et al., 2011. Lactic Acid Bacteria | *Pediococcus* spp. in *Encyclopedia of Dairy Sciences* (Second Edition). [online].[cit. 2023-03-02]. ISBN 978-0-12-374407-4. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/pediococcus-acidilactici>

CHART, Henrik, 2012. *Klebsiella, enterobacter, proteus and other enterobacteria in Medical Microbiology* (Eighteenth Edition), p. 737 - 778. [online].[cit. 2023-02-28]. ISBN 978-0-7020-4089-4. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/klebsiella-aerogenes>

IBRAHIM A., Salam, 2016. Lactic Acid Bacteria: *Lactobacillus* spp.: Other Species in Reference Module in Food Science. [online].[cit. 2023-02-27]. ISBN 978-0-08-100596-5. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/lactobacillus-kefiri>

IVERSEN, C, et al. *Cronobacter* gen. nov., a new genus to accommodate the biogroups of *Enterobacter sakazakii*, and proposal of *Cronobacter sakazakii* gen. nov., comb. nov., *Cronobacter malonaticus* sp. nov., *Cronobacter turicensis* sp. nov., *Cronobacter muytjensii* sp. nov., *Cronobacter dublinensis* sp. nov., *Cronobacter genomospecies 1*, and of three subspecies, *Cronobacter dublinensis* subsp. *dublinensis* subsp. nov., *Cronobacter dublinensis* subsp. *lausannensis* subsp. nov. and *Cronobacter dublinensis* subsp. *lactaridi* subsp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2008; 58:1442-1447. [online].[cit. 2024-02-18]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/cronobacter-sakazakii>

JOSHI, A, et al., 2021. Alkalihalobacterium elongatum gen. nov. sp. nov.: An Antibiotic-Producing Bacterium Isolated From Lonar Lake and Reclassification of the Genus Alkalihalobacillus Into Seven Novel Genera. *Front Microbiol* 2021; 12:722369. [online].[cit. 2024-02-03]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/halalkalibacter-akibai>

KAKAGIANNI, N. Myrsini, 2022. Spoilage Organisms: *Geobacillus stearothermophilus* in Encyclopedia of Dairy Sciences (Third edition), p. 384 – 393. [online].[cit. 2023-02-26]. ISBN 978-0-12-818767-8. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/geobacillus-stearothermophilus>

KAČÁNIOVÁ, Miroslava a HLEBA, Lukáš. *Základy bakteriologie*. Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita v Nitre, 2011. ISBN 978-80-552-0709-4

KAČÁNIOVÁ, Miroslava – TANČINOVÁ, Dana. *Prediktívna mikrobiológia v potravinárstve*. Vydanie I. Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita, 2012. ISBN 978-80-552-0729-2.

KALIŇÁKOVÁ, B. a kol., 2019. Metodický manuál pre hodnotenie a kontrolu mikrobiologickej kontaminácie tradičných nosičov informácií. [online]. [cit. 2024-04-25]. Dostupné z <https://educell.sk/wp-content/uploads/2020/02/Metodick%C3%BD-manu%C3%A1l-pre-kontrolu-hodnotenia-mikrobiologickej-kontamin%C3%A1cie-papierov%C3%BDch-nosi%C4%8Dov-inform%C3%A1ci%C3%AD-2019.pdf>

KALHOTKA, Libor. *Potravinárska mikrobiologie pro zahradnickou fakultu díl 2*. Vydanie I. Brno: Mendelova univerzita, 2014. ISBN 978-80-7509-016-4.

KANDLER, O, KUNATH, P. *Lactobacillus kefir* sp. nov., a component of the microflora of Kefir. *Syst Appl Microbiol* 1983; 4:286-294. [online].[cit. 2024-02-03]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lactobacillus-kefiri>

KAWUMARA, Y, et al. Transfer of *Streptococcus adjacens* and *Streptococcus defectivus* to *Abiotrophia* gen. nov. as *Abiotrophia adiacens* comb. nov. and *Abiotrophia defectiva* comb. nov., respectively. *Int J Syst Bacteriol* 1995; 45:798-803. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/abiotrophia-defectiva>

KELLERMAN, D. Rick, 2021. Foodborne Illnesses, [online].[cit. 03-3-2023]. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/medicine-and-dentistry/cronobacter-sakazakii>

KEYES, Jonathan et al., 2020. *Leclercia adecarboxylata*: An Emerging Pathogen Among Pediatric Infections. [online].[cit. 2023-03-01]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7286590/>

KILPPER-BÄLZ, R, et al. Transfer of *Peptococcus saccharolyticus* Foubert and Douglas to the genus *Staphylococcus*: *Staphylococcus saccharolyticus* (Foubert and Douglas) comb. nov. *Zentralbl. Bakteriol. Parasitenkd. Infektionskr. Hyg. Abt. 1 Orig. Reihe C* 1981; 2:324-331. [online].[cit. 2024-02-24]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/staphylococcus-saccharolyticus>

KLOOS, WE, et al. Delimiting the genus *Staphylococcus* through description of *Macroccoccus caseolyticus* gen. nov., comb. nov. and *Macroccoccus equipercicus* sp. nov., and *Macroccoccus bovicus* sp. no. and *Macroccoccus carouselicus* sp. nov. *Int J Syst Bacteriol*

1998; 48:859-877. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/macrocooccus-caseolyticus>

KOCH, C, et al. Reclassification of *Micrococcus agilis* (Ali-Cohen 1889) to the genus *Arthrobacter* as *Arthrobacter agilis* comb. nov. and emendation of the genus *Arthrobacter*. *Int J Syst Bacteriol* 1995; 45:837-839. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/arthrobacter-agilis>

KUPILA, L. et al. Aetiological diagnosis of brain abscesses and spinal infections: application of broad range bacterial polymerase chain reaction analysis. In *Journal Neurol. Neurosurg. Psychiatry*. ISSN 1468-330X, 2003, vol. 74, no. 6.

LAWSON, PA, et al., 2016. Reclassification of *Clostridium difficile* as *Clostridioides difficile* (Hall and O'Toole 1935) Prevot 1938. *Anaerobe* 2016; 40:95-99. [online].[cit. 2024-02-05]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/clostridioides-difficile>

LAWSON, PA, et al., 2023. Reclassification of *Clostridium cocleatum*, *Clostridium ramosum*, *Clostridium spiroforme* and *Clostridium saccharogumia* as *Thomasclavelia cocleata* gen. nov., comb. nov., *Thomasclavelia ramosa* comb. nov., gen. nov., *Thomasclavelia spiroformis* comb. nov. and *Thomasclavelia saccharogumia* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2023; 73:5694. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/thomasclavelia-ramosa>

LEE, WK, et al, 1989. *Clostridium intestinalis* sp. nov., an aerotolerant species isolated from the feces of cattle and pigs. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1989; 39:334-336. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/clostridium-intestinale>

LE MINOR, L, et al. Request for an Opinion. Designation of *Salmonella enterica* sp. nov., nom. rev., as the type and only species of the genus *Salmonella*. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1987; 37:465-468. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/salmonella-enterica-arizonae>

LI, Weicheng et al., 2020. Fermentation Characteristics of *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* Isolated From Naturally Fermented Dairy Products and creening of Potential Starter Isolates, [online].[cit. 2023-02-28]. Dostupné z <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2020.01794/full>

LI TT, et al. Elevation of *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* to the species level as *Lactococcus cremoris* sp. nov. and transfer of *Lactococcus lactis* subsp. *tractae* to *Lactococcus cremoris* as *Lactococcus cremoris* subsp. *tractae* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2019; 71:0. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lactococcus-cremoris>

LINDNER, P. Über ein neues in Malzmaischen vorkommendes, milchsäurebildendes Ferment. *Wochenschrift fur Brauerei* 1887; 4:437-440. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/pediococcus-acidilactici>

LIU, DD, GU, CT. Proposal to reclassify *Lactobacillus zhaodongensis*, *Lactobacillus zeae*, *Lactobacillus argentoratensis* and *Lactobacillus buchneri* subsp. *silagei* as *Lacticaseibacillus zhaodongensis* comb. nov., *Lacticaseibacillus zeae* comb. nov., *Lactiplantibacillus argentoratensis* comb. nov. and *Lentilactobacillus buchneri* subsp.

silagei comb. nov., respectively and *Apilactobacillus kosoi* as a later heterotypic synonym of *Apilactobacillus micheneri*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020; 70:6414-6417. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lacticaseibacillus-zeae>

LORENZO, M. Jose et al., 2018. Main Groups of Microorganisms of Relevance for Food Safety and Stability in Innovative Technologies for Food Preservation. [online].[cit. 2023-01-03]. ISBN 978-0-12-811031-7. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/lactobacillus-sakei>

MAY, et al., 2022. Corrigendum to "Proposal for reunification of the genus *Raoultella* with the genus *Klebsiella* and reclassification of *Raoultella electrica* as *Klebsiella electrica* comb. nov." [Res microbiol 172 (2021) 103851]. *Res Microbiol* 2022; 173:103924. [online].[cit. 2024-02-10]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lacticaseibacillus-zeae>

MADHAIYAN, M, WIRTH, JS, SARAVANAN, VS. Phylogenomic analyses of the Staphylococcaceae family suggest the reclassification of five species within the genus *Staphylococcus* as heterotypic synonyms, the promotion of five subspecies to novel species, the taxonomic reassignment of five *Staphylococcus* species to *Mammaliococcus* gen. nov., and the formal assignment of *Nosocomiicoccus* to the family Staphylococcaceae. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020; 70:5926-5936. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/staphylococcus-casei>

MASCO, L, et al. Polyphasic taxonomic analysis of *Bifidobacterium animalis* and *Bifidobacterium lactis* reveals relatedness at the subspecies level: reclassification of *Bifidobacterium animalis* as *Bifidobacterium animalis* subsp. *animalis* subsp. nov. and *Bifidobacterium lactis* as *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* subsp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2004; 54:1137-1143. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/bifidobacterium-animalis-lactis>

MATTARELLI, P, et al. Proposal to reclassify the three biotypes of *Bifidobacterium longum* as three subspecies: *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* subsp. nov., *Bifidobacterium longum* subsp. *infantis* comb. nov. and *Bifidobacterium longum* subsp. *suis* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2008; 58:767-772. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/bifidobacterium-longum-infantis>

MICHALKOVÁ, Eva. *Základy technickej mikrobiologie a biotechnologie*. Vydanie I. Zvolen: Technická univerzita Zvolen, 2016. ISBN 978-80-228-2907-6.

MITSUOKA, T. Vergleichende Untersuchungen über die Bifidobakterien aus dem Verdauungstrakt von Menschen und Tieren. *Zentralblatt für Bakteriologie, Parasitenkunde, Infektionskrankheiten und Hygiene. Abteilung I* 1969; 210:52-64. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/bifidobacterium-thermophilum>

NARSING, R., et al. Thamchaipenet A. Genome-based reclassification of *Bacillus acidicola*, *Bacillus pervagus* and the genera *Heyndrickxia*, *Margalitia* and *Weizmannia*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2023; 73:5961. [online].[cit. 2024-23-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/heyndrickxia-coagulans>

NAZINA, TN, et al. Taxonomic study of aerobic thermophilic bacilli: descriptions of *Geobacillus subterraneus* gen. nov., sp. nov. and *Geobacillus uzenensis* sp. nov. from

petroleum reservoirs and transfer of *Bacillus stearothermophilus*, *Bacillus thermocatenulatus*, *Bacillus thermoleovorans*, *Bacillus kaustophilus*, *Bacillus thermodenitrificans* to *Geobacillus* as the new combinations *G. stearothermophilus*, *G. th.* *Int J Syst Evol Microbiol* 2001; 51:433-446. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/geobacillus-stearothermophilus>

NEUBAUER, H. et al. *Yersinia enterocolitica* 16S rRNA gene types belong to the same genospecies but form three homology groups. *Int J Med Microbiol* 2000; 290:61-64. [online].[cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/yersinia-enterocolitica-enterocolitica>

NGUYEN, SV, et al. *Yersinia occitanica* is a later heterotypic synonym of *Yersinia kristensenii* subsp. *rochesterensis* and elevation of *Yersinia kristensenii* subsp. *rochesterensis* to species status. *Int J Syst Evol Microbiol* 2021; 71:4626. [online].[cit. 2024-02-18]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/yersinia-rochesterensis>

OMORI, Reo, 2020. *Leuconostoc lactis* – A Rare Cause of Bacterial Meningitis in an Immunocompromised Host, [online]. [cit. 2023-02-26]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7725636/>

OREN, A, et al., 1987. Transfer of *Clostridium lortetii* to a new genus *Sporohalobacter* gen. nov. as *Sporohalobacter lortetii* comb. nov. and description of *Sporohalobacter marismortui* sp. nov. *Syst. Appl. Microbiol.* 1987; 9:239-246. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/sporohalobacter-lortetii>

ORLA-JENSES. Classification des bactéries lactiques. *Lait* 1924; 4:468-474. [online].[cit. 2024-02-23]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/bifidobacterium-bifidum>

OSAWA, R, FUJISAWA, T, SLY, LL. *Streptococcus gallolyticus* sp. nov.; gallate degrading organisms formerly assigned to *Streptococcus bovis*. *Syst. Appl. Microbiol.* 1995; 18:74-78. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/streptococcus-gallolyticus>

PALMER, M, et al., 2018. *Mixta* gen. nov., a new genus in the Erwiniaceae. *Int J Syst Evol Microbiol* 2018; 68:1396-1407. [online].[cit. 2024-02-14]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/mixta-calida>

PANČÍK, Peter, 2016. Základné ekologické pojmy. [online]. [cit. 2024-04-22]. Dostupné z <https://biopedia.sk/ekologia/zakladne-ekologicke-pojmy>

PARTIN, W. Alan, 2021. Infections of the Urinary Tract, [online].[cit. 2023-03-02]. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/immunology-and-microbiology/raoultella-planticola>

PASTORÁKOVÁ, A., PETROVIČ, R. Molekulárne metódy aktuálne používané v klinickej genetike. Bratislava: Univerzita Komenského v Bratislave, Lekárska fakulta, 2016. ISBN 978-80-223-4231-5. [online]. [cit. 2024-04-24]. Dostupné z [https://www.fmed.uniba.sk/fileadmin/lf/sluzby/akademicka\\_kniznica/PDF/Elektronicke\\_knihy\\_LF\\_UK/Molekularne\\_metody\\_aktualne\\_pouzivane\\_v\\_klinickej\\_genetike.pdf](https://www.fmed.uniba.sk/fileadmin/lf/sluzby/akademicka_kniznica/PDF/Elektronicke_knihy_LF_UK/Molekularne_metody_aktualne_pouzivane_v_klinickej_genetike.pdf)

PATEL, S, GUPTA, RS. A phylogenomic and comparative genomic framework for resolving the polyphyly of the genus *Bacillus*: Proposal for six new genera of *Bacillus* species, *Peribacillus* gen. nov., *Cytobacillus* gen. nov., *Mesobacillus* gen. nov., *Neobacillus* gen. nov., *Metabacillus* gen. nov. and *Alkalihalobacillus* gen. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020; 70:406-438. [online].[cit. 2024-02-03]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/peribacillus-asahii>

PAVAN, ME, et al. 2005. Phylogenetic relationships of the genus *Kluyvera*: transfer of *Enterobacter intermedius* Izard et al. 1980 to the genus *Kluyvera* as *Kluyvera intermedia* comb. nov. and reclassification of *Kluyvera cochleae* as a later synonym of *K. intermedia*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2005; 55:437-442. [online].[cit. 2024-02-09]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/peribacillus-asahii>

PETTERSSON, B, et al. Transfer of *Bacillus lentimorbus* and *Bacillus popilliae* to the genus *Paenibacillus* with emended descriptions of *Paenibacillus lentimorbus* comb. nov. and *Paenibacillus popilliae* comb. nov. *Int J Syst Bacteriol* 1999; 49:531-540. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/paenibacillus-lentimorbus>

PETROVIČOVÁ, Anna a ŠIMKOVIČOVÁ, Magda. *Všeobecná mikrobiológia*. Bratislava: zdravotnícke vydavateľstvo HERBA, 2004. ISBN 80-89171-17-6, 107 s.

POEHLEIN, A, et al., 2017. Proposal for the reclassification of obligately purine-fermenting bacteria *Clostridium acidurici* (Barker 1938) and *Clostridium purinilyticum* (Durre et al. 1981) as *Gottschalkia acidurici* gen. nov. comb. nov. and *Gottschalkiapurinilytica* comb. nov. and of *Eubacterium angustum* (Beuscher and Andreesen 1985) as *Andreesenia angusta* gen. nov. comb. nov. in the family *Gottschalkiaceae* fam. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*; chapter 67, pages 2711-2719. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/gottschalkia-acidurici>

POSTGATE, John. *Mikroby a my*. Vydání I. Praha: PANORAMA, 1982. Preložila Eva ŠLONCOVÁ. Edice PYRAMIDA. ISBN 605-22-825.

PRAKASH, O, et al. Proposal for creation of a new genus *Neomicrococcus* gen. nov. to accommodate *Zhihengliuella aestuarii* Baik et al. 2011 and *Micrococcus lactis* Chittpurna et al. 2011 as *Neomicrococcus aestuarii* comb. nov. and *Neomicrococcus lactis* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2015; 65:3771-3776. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/neomicrococcus-lactis>

PRÉVOT, 1938. Études de systématique bactérienne. IV. Critique de la conception actuelle du genre *Clostridium*. *Annales de l'Institut Pasteur (Paris)*. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/clostridium-sardiniense>

RAMEES, Puram Thadiyam et al., 2017. *Arcobacter*: an emerging food-borne zoonotic pathogen, its public health concerns and advances in diagnosis and control – a comprehensive review, [online].[cit. 2023-03-01]. Dostupné z <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/01652176.2017.1323355>

RAMOS, A. et al., 2020. Technological Applications of *Macrococcus caseolyticus* and its Impact on Food Safety, [online].[cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33165661/>

RAY, Sanket, 2020. Microbiome Stimulants for Crops in Beneficial Microbes in Agro-Ecology, p. 861 - 913. [online].[cit. 2023-02-27]. ISBN 978-0-12-823414-3. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/brevibacillus-brevis>

REEVES, MW, et al., 1989. Clonal nature of Salmonella typhi and its genetic relatedness to other salmonellae as shown by multilocus enzyme electrophoresis, and proposal of Salmonella bongori comb. nov. J Clin Microbiol 1989; 27:313-320. [online].[cit. 2024-02-22]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/salmonella-bongori>

RODRIGUES, U, COLLINS, MD. Phylogenetic analysis of Streptococcus saccharolyticus based on 16S rRNA sequencing. FEMS Microbiol. Lett. 1990; 71:231-234. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/enterococcus-saccharolyticus>

ROSENBACH, FJ. Microorganismen bei den Wund-Infektions-Krankheiten des Menschen. J. F. Bergmann, Wiesbaden, 1884. [online].[cit. 2024-02-24]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/staphylococcus-aureus>

SAITO, M., et al., 2013. Gibbsiella dentisursi sp. nov., isolated from the bear oral cavity. Microbiol Immunol 2012; 56:506-512. [online].[cit. 2024-02-14]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/gibbsiella-dentisursi>

SAKAMOTO, M, et al., 2017. Faecalimonas umbilicata gen. nov., sp. nov., isolated from human faeces, and reclassification of Eubacterium contortum, Eubacterium fissicatena and Clostridium oroticum as Faecalicatena contorta gen. nov., comb. nov., Faecalicatena fissicatena comb. nov. and Faecalicatena orotica comb. nov. Int J Syst Evol Microbiol 2017; 67:1219-1227. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/faecalicatena-orotica>

SANCHEZ, Guerrero et al., 2021. Ligilactobacillus salivarius functionalities, applications, and manufacturing challenges, [online].[cit. 2023-02-26]. Dostupné z <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34889985/>

SASI JYOTHSANA, TS, et al., 2016. Paraclostridium benzoelyticum gen. nov., sp. nov., isolated from marine sediment and reclassification of Clostridium bifermentans as Paraclostridium bifermentans comb. nov. Proposal of a new genus Paeniclostridium gen. nov. to accommodate Clostridium sordellii and Clostridium ghonii. Int J Syst Evol Microbiol 2016; chapter, 66, pages 1268-1274. [online].[cit. 2024-02-02]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/paraclostridium-bifermentans>

SCANES, G. Colin, 2018. Animal Attributes Exploited by Humans (Nonfood Uses of Animals) in Animals and Human Society, 528 p. [online].[cit. 2023-02-28]. ISBN 978-0-12-805247-1. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/clostridium-baratii>

SCARDOVI, V, TROVATELLI, LD. New species of bifidobacteria from Apis mellifica L. and Apis indica F. A contribution to the taxonomy and biochemistry of the genus Bifidobacterium. Zentralblatt für Bakteriologie, Parasitenkunde, Infektionskrankheiten und Hygiene. Abteilung II 1969; 123:64-88. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/bifidobacterium-indicum>



SCARDOVI, V, TROVATELLI, LD. *Bifidobacterium animalis* (Mitsuoka) comb. nov. and the "minimum" and "subtile" groups of new bifidobacteria found in sewage. *International Journal of Systematic Bacteriology* 1974; 24:21-28. [online].[cit. 2024-02-24]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/bifidobacterium-animalis>

SCHINDLER, Jiří. *Automatická diagnostika bakterií*. Vydání I. Praha: AVICENUM, zdravotnické nakladatelství, 1984. ISBN 08-053-84.

SCHINDLER, Jiří. *Ze života bakterií*. Vydání I. Praha: ACADEMIA, 2008. PRŮHLEDY, sv. 5. ISBN 978-80-200-1666-9.

SCHLEIFER, KH, et al. Transfer of *Streptococcus lactis* and related streptococci to the genus *Lactococcus* gen. nov. *Syst. Appl. Microbiol.* 1985; 6:183-195. [online].[cit. 2024-02-05]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lactococcus-lactis>

SCHLEIFER, KH, FISCHER, U. Description of a new species of the genus *Staphylococcus*: *Staphylococcus carnosus*. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1982; 32:153-156. [online].[cit. 2024-02-06]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/staphylococcus-carnosus>

SCHLEIFER, KH, KILPPER-Bälz, R. Transfer of *Streptococcus faecalis* and *Streptococcus faecium* to the genus *Enterococcus* nom. rev. as *Enterococcus faecalis* comb. Nov. and *Enterococcus faecium* comb. nov. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1984; 34:31-34. [online].[cit. 2024-02-16]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/enterococcus-faecalis>

SEDLÁČEK, Ivo. *Taxonomie prokaryot*. Vydání I. Brno: Masarykova univerzita, 2007. ISBN 80-210-4207-9.

SCHOLZ CF, et al. The natural history of cutaneous propionibacteria, and reclassification of selected species within the genus *Propionibacterium* to the proposed novel genera *Acidipropionibacterium* gen. nov., *Cutibacterium* gen. nov. and *Pseudopropionibacterium* gen. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2016; 66:4422-4432. [online].[cit. 2024-02-23]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/acidipropionibacterium-acidipropionici>

SCOTT, J, et al., 1935. Gas edema diseases. Twelfth International Veterinary Congress 1935; 2:168-182. [online].[cit. 2024-02-01]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/clostridium-haemolyticum>

SHIDA, O, et al. Proposal for two new genera, *Brevibacillus* gen. nov. and *Aneurinibacillus* gen. nov. *Int J Syst Bacteriol* 1996; 46:939-946. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/brevibacillus-brevis>

SHIDA, O, et al. Transfer of *Bacillus alginolyticus*, *Bacillus chondroitinus*, *Bacillus curdlanolyticus*, *Bacillus glucanolyticus*, *Bacillus kobensis*, and *Bacillus thiaminolyticus* to the genus *Paenibacillus* and emended description of the genus *Paenibacillus*. *Int J Syst Bacteriol* 1997; 47:289-298. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/paenibacillus-glucanolyticus>

SHIMWELL, JL. *Obesumbacterium* gen. nov. *Brewers Journal* 1963; 99:759-760. [online].[cit. 2024-02-14]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/obesumbacterium-proteus>

SMITH, JE, et al. A taxonomic study of the genus *Pasteurella* using a numeral technique. *Acta Pathologica et Bacteriologica Scandinavica* 1965; 64:213-223. [online]. [cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/yersinia-pseudotuberculosis>

STEPHAN, R, et al. Re-examination of the taxonomic status of *Enterobacter helveticus*, *Enterobacter pulveris* and *Enterobacter turicensis* as members of the genus *Cronobacter* and their reclassification in the genera *Franconibacter* gen. nov. and *Siccibacter* gen. nov. as *Franconibacter helveticus* comb. nov., *Franconibacter pulveris* comb. nov. and *Siccibacter turicensis* comb. nov., respectively. *Int J Syst Evol Microbiol* 2014; 64:3402-3410. [online]. [cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/franconibacter-helveticus>

SMOLINSKÁ, Miroslava. *Ekológia a taxonómia mikroorganizmov* [online]. Bratislava, 2017 [cit. 2023-07-01]. Dostupné z [https://fns.uniba.sk/uploads/media/Ekologia\\_a\\_taxonomia\\_mikroorganizmov\\_1.pdf](https://fns.uniba.sk/uploads/media/Ekologia_a_taxonomia_mikroorganizmov_1.pdf)

SOETAERT, W. et al., 1995. *Carbohydrate Bioengineering in Progress in Biotechnology*. [online]. [cit. 2023-03-04]. ISBN 978-0-444-82223-9. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/agricultural-and-biological-sciences/leuconostoc-mesenteroides>

SONG, Adelene Ai-Lian et al., 2017. A review on *Lactococcus lactis*: from food to factory. *Microbial Cell Factories* [online]. April 2017, [cit. 2023-02-24]. ISSN 1475-2859. Dostupné z <https://microbialcellfactories.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12934-017-0669-x#citeas>

ŠILHÁNKOVÁ, Ludmila. *Mikrobiologie pro potravináře a biotechnology*. Praha: ACADEMIA, 2008. Vydání III. ISBN 80-200-1024-6.

ŠMARDA, Jan a kol. *Metody molekulární biologie*. Brno: Masarykova univerzita, 2010. ISBN 978-80-210-3841-7.

ŠPANOVÁ, A. – RITTICH, B. *Analýza vybraných druhů bakterií mléčného kvašení pomocí metod molekulární biologie*. Vydání I. Brno: Vysoké učení technické, Fakulta chemická, 2010. ISBN 978-80-214-4004-3.

TAKIZAWA, S, et al. *Lactobacillus kefirgranum* sp. nov. and *Lactobacillus parakefir* sp. nov., two new species from kefir grains. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 1994; 44:435-439. [online]. [cit. 2024-02-15]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/lactobacillus-parakefiri>

TAMURA, K, et al. *Leclercia adecarboxylata* gen. nov., comb. nov., formerly known as *Escherichia adecarboxylata*. *Curr. Microbiol.* 1986; 13:179184. [online]. [cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/leclercia-adecarboxylata>

TANČINOVÁ, Dana. *Mikrobiológia potravín*. Nitra: Slovenská poľnohospodárska univerzita, 2017. ISBN 978-80-552-1642-3.

TEIXEIRA, Pedro, 2014. LACTOBACILLUS | *Lactobacillus delbrueckii* ssp. *Bulgaricus* in *Encyclopedia of Food Microbiology (Second Edition)*. [online]. [cit. 2023-03-01]. ISBN 978-0-12-384733-1. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/medicine-and-dentistry/lactobacillus-delbrueckii-subsp-bulgaricus>

TINDALL, BJ, et al. *Enterobacter aerogenes* Hormaeche and Edwards 1960 (Approved Lists 1980) and *Klebsiella mobilis* Bascomb et al. 1971 (Approved Lists 1980) share the same nomenclatural type (ATCC 13048) on the Approved Lists and are homotypic synonyms, with consequences for the name *Klebsiella mobilis* Bascomb et al. 1971 (Approved Lists 1980). *Int J Syst Evol Microbiol* 2017; 67:502-504. [online].[cit. 2024-02-14]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/klebsiella-aerogenes>

TINDALL, BJ, 2019. The names *Hungateiclostridium* Zhang et al. 2018, *Hungateiclostridium thermocellum* (Viljoen et al. 1926) Zhang et al. 2018, *Hungateiclostridium cellulolyticum* (Patel et al. 1980) Zhang et al. 2018, *Hungateiclostridium aldrichii* (Yang et al. 1990) Zhang et al. 2018, *Hungateiclostridium alkalicellulosi* (Zhilina et al. 2006) Zhang et al. 2018, *Hungateiclostridium clariflavum* (Shiratori et al. 2009) Zhang et al. 2018, *Hungateiclostridium straminisolvens* (Kato et al. 2004) Zhang et al. 2018 and *Hungateiclostridium saccincola* (Koeck et al. 2016) Zhang et al. 2018 contravene Rule 51b of the International Code of Nomenclature of Prokaryotes and require replacement names in the genus *Acetivibrio* Patel et al. 1980. *Int J Syst Evol Microbiol* 2019; chapter 69, pages 3927-3932. [online].[cit. 2024-02-02]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/acetivibrio-aldrichii>

TKALEC Valerija et al., 2020. *Clostridioides difficile* in national food surveillance, Slovenia, 2015 to 2017, [online].[cit. 2023-03-02]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7189651/>

TOMINAGA, T, et al. *Oceanobacillus soja* sp. nov. isolated from soy sauce production equipment in Japan. *J Gen Appl Microbiol* 2009; 55:225-232. [online].[cit. 2024-02-06]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/oceanobacillus-sojae>

UEKI, A, et al., 2017. Description of *Anaerotignum aminivorans* gen. nov., sp. nov., a strictly anaerobic, amino-acid-decomposing bacterium isolated from a methanogenic reactor, and reclassification of *Clostridium propionicum*, *Clostridium neopropionicum* and *Clostridium lactatifermentans* as species of the genus *Anaerotignum*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2017; 67:4146-4153. [online].[cit. 2024-02-04]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/anaerotignum-lactatifermentans>

VAN, N. The propionic acid bacteria. Uitgeverszaak and Boissevain and Co., Haarlem, Holland, 1928. [online].[cit. 2024-02-23]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/propionibacterium-freudenreichii>

VANCANNEYT, M, et al. Reclassification of *Lactobacillus kefirgranum* Takizawa et al. 1994 as *Lactobacillus kefiranofaciens* subsp. *kefirgranum* subsp. nov. and emended description of *L. kefiranofaciens* Fujisawa et al. 1988. *Int J Syst Evol Microbiol* 2004; 54:551-556. [online].[cit. 2024-02-17]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/lactobacillus-kefiranofaciens-kefirgranum>

VAN LOGHEM, 1944. The classification of the plague-bacillus. *Antonie van Leeuwenhoek Journal of Microbiology and Serology* 1944; 10:15-16. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/yersinia-pestis>

VETERÁNY, Ladislav a VETERÁNYOVÁ, Anna. *Mikrobiológia*. Trenčín:Trenčianska univerzita Alexandra Dubčeka v Trenčíne, Ústav zdravotníctva a ošetrovateľstva, 2005. ISBN 80-8075-054-8.

VIDOR, J. Callum et al., 2019. *Paeniclostridium sordellii* and *Clostridioides difficile* encode similar and clinically relevant tetracycline resistance loci in diverse genomic locations. *Journal BMC Microbiology* 19 [online]. March 2019, vol. 53, [cit. 2023-03-01]. ISSN 1471-2180. Dostupné z <https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-019-1427-5#citeas>

VYDROVÁ, J. *Prehľad rýchlych metód na dôkaz patogénnych mikroorganizmov: semestrálna práca*. Bratislava: STU, 2004.

ZHENG, J, et al. A taxonomic note on the genus *Lactobacillus*: Description of 23 novel genera, emended description of the genus *Lactobacillus* Beijerinck 1901, and union of *Lactobacillaceae* and *Leuconostocaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020; 70:2782-2858. [online].[cit. 2024-02-15]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/loigolactobacillus-bifermentans>

WANG, Linhao et al., 2022. Application of *Weizmannia coagulans* in the medical and livestock industry. *Annals of Microbiology* 72 [online]. August 2022, [cit. 2023-02-23]. ISSN 1869-2044. Dostupné z <https://annalsmicrobiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13213-022-01687-3>

WEISS, N, et al. *Lactobacillus lactis*, *Lactobacillus leichmannii* and *Lactobacillus bulgaricus*, Subjective Synonyms of *Lactobacillus delbrueckii*, and Description of *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *lactis* comb. nov. and *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* comb. nov. *Syst Appl Microbiol* 1983; 4:552-557. [online].[cit. 2024-02-15]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/subspecies/lactobacillus-delbrueckii-bulgaricus>

WESLEY, V. Irene, 1999. *Arcobacter* in Encyclopedia of Food Microbiology. [online].[cit. 2023-03-01]. ISBN 978-0-12-227070-3. Dostupné z <https://www.sciencedirect.com/topics/immunology-and-microbiology/arcobacter>

WILLIAMS, AM, FARROW, JAE, COLLINS, MD. Reverse transcriptase sequencing of 16s ribosomal RNA from *Streptococcus cecorum*. *Lett. Appl. Microbiol.* 1989; 8:185-189. [online].[cit. 2024-02-08]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/enterococcus-cecorum>

WILSON, Rose Debra, 2019. 16 Benefits of *Lactobacillus Helveticus*, [online].[cit. 2024-02-19]. Dostupné z <https://www.healthline.com/health-news/strange-six-things-you-didnt-know-about-your-gut-microbes-090713#More-on-Healthline>

WINSLOW, CE, et al. The Families and Genera of the Bacteria: Final Report of the Committee of the Society of American Bacteriologists on Characterization and Classification of Bacterial Types. *J Bacteriol* 1920; 5:191-229. [online].[cit. 2024-02-20]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/erwinia-amylovora>

WU, L. – LI, G. – XU, X. et al. *Application of nano-ELISA in food analysis: Recent advances and challenges*. In *Trends in Analytical Chemistry*, 2019. vol. 113.

YAMADA, Y, et al. An electrophoretic comparison of enzymes in strains of *Gluconobacter* species. *J. Gen. Appl. Microbiol.* 1984; 30:115-126. [online].[cit. 2024-02-23]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/gluconobacter-cerinus>

YOON, JH, et al. *Sporosarcina aquimarina* sp. nov., a bacterium isolated from seawater in Korea, and transfer of *Bacillus globisporus* (Larkin and Stokes 1967), *Bacillus psychrophilus* (Nakamura 1984) and *Bacillus pasteurii* (Chester 1898) to the genus *Sporosarcina* as *Sporosarcina globispora* comb. nov., *Sporosarcina psychrophila* comb. nov. and *Sporosarcina pasteurii* comb. nov., and emended description of th. *Int J Syst Evol Microbiol* 2001; 51:1079-1086. [online].[cit. 2024-02-06]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/sporosarcina-pasteurii>

ZAMBRI, Matthew et al., 2019. Novel virulence, antibiotic resistance and toxin gene-specific PCR-based assays for rapid pathogenicity assessment of *Arcobacter faecis* and *Arcobacter lanthieri*. *BMC Microbiology* [online]. January 2019, [cit. 2023-03-06]. ISSN 1471-2180. Dostupné z <https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-018-1357-7>

ZHAO, Hailan et al., 2022. Genomic insights from *Paraclostridium bifermentans* HD0315\_2: General features and pathogenic potential, [online].[cit. 2023-03-02]. Dostupné z <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2022.928153/full>

ZHAO, HX, et al., 1990. Assignment of *Clostridium bryantii* to *Syntrophospora bryantii* gen. nov., comb. nov. on the basis of a 16S rRNA sequence analysis of its crotonate-grown pure culture. *Int J Syst Bacteriol* 1990; 40:40-44. [online].[cit. 2024-02-05]. Dostupné z <https://lpsn.dsmz.de/species/syntrophospora-bryantii>

ZIMANOVÁ, Michaela a kol. 2016. Technológia výroby parených syrov. *Chemické listy* 110. [online].[cit. 2024-02-15]. Dostupné z [http://www.chemicke-listy.cz/docs/full/2016\\_04\\_258-262.pdf](http://www.chemicke-listy.cz/docs/full/2016_04_258-262.pdf)

ZOTTA, Teresa et al., 2022. Selection of *Lactiplantibacillus* Strains for the Production of Fermented Table Olives [online].[cit. 2023-02-22]. Dostupné z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8956003/>

**ZOZNAM POUŽITÝCH SYMBOLOV A SKRATIEK**

AK	aminokyseliny
BMK	baktérie mliečneho kvasenia
BS	bunková steba
CM	cytoplazmatická membrána
DNA	deoxyribonukleová kyselina
E	energia
<i>E. coli</i>	Escherichia coli
G+	grampozitívny
G-	gramnegatívny
MO	mikroorganizmus
mRNA	mediátorová ribonukleová kyselina
NK	nukleové kyseliny
PCR	Polymerázová reťazová reakcia
r.	rok
RNA	ribonukleová kyselina
Subsp.	subspecies (poddruh)

**ZOZNAM TABULIEK**

Tabuľka 1 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodu <i>Clostridium</i> .....	36
Tabuľka 2 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodu <i>Bacillus</i> .....	38
Tabuľka 3 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodov čeľade Enterobacteriaceae...	40
Tabuľka 4 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodov baktérií mliečneho kvasenia	41
Tabuľka 5 Novo popísané druhy baktérií vyčlenené z rodu <i>Arcobacter</i> .....	47