



Screening von *Streptococcus thermophilus* zur Säuerung von Milch mit dem Hamilton- Roboter

Vincent Beuret
Forschungsgruppe Biotechnologie

19. November 2024





Warum Hochdurchsatz-Screening?

- Schnelles Screening für eine bestimmte Aktivität
- Im manuellen Modus sehr zeitaufwändig und fehleranfällig
- Bessere Reproduzierbarkeit, Rückverfolgbarkeit und Qualität
- Bedarf an weniger Reagenzien und Handhabung aufgrund der Miniaturisierung der Prozesse
- Wenn die Stämme in Matrix-Platten fertig sind, kann jeder biochemische Test verwendet werden.



Vorbedingungen für das Screening

- Vorbereitung von Matrix-Röhrchen → Stammsammlung in 96 Matrix-Well-Platten
- Biochemischer Test angepasst an 96-Well-Platten
- Wenn möglich, kann der Assay mit einem Mikroplatten-Lesegerät gemessen werden (Farbe, Fluoreszenz oder OD-Veränderung)
- Möglichkeit, eine Referenz oder +/- Kontrollen zur Validierung einer Testserie zu haben



Allgemeines Verfahren

- Primäres Screening:
 - FSDA-Test (Fast Slow Difference Agar) für die Geschwindigkeit der Milchgerinnung.
 - Schnell säuernde Streptokokken besitzen das prtS-Gen und bilden eine gelbe Kolonie mit einem gelben Heiligenschein
 - Negative Stämme bleiben weiß
 - Anpassung des Agar-Tests an den Flüssigkeitstest auf der Mikroplatte!
 - Urease-Test für die Hydrolyse von Harnstoff
 - Bestimmte Streptokokken besitzen das Operon zum Abbau von Harnstoff, was zur Ammoniakproduktion führt und somit die Versauerung um pH 6 verlangsamt.
 - Das Screening auf Mutanten ist eine Möglichkeit, die Verlangsamung der Versauerung zu verhindern
- Sekundäres Screening:
 - Hydroplatten für Milch-Säuerungskurven → Bestätigung der Säuerungsgeschwindigkeit
 - Hydroplatten sind handelsübliche 96er-Platten mit einem immobilisierten "pH-Indikator", der die kontinuierliche Messung des pH-Werts mit einem Mikroplatten-Lesegerät mit Fluoreszenz ermöglicht.



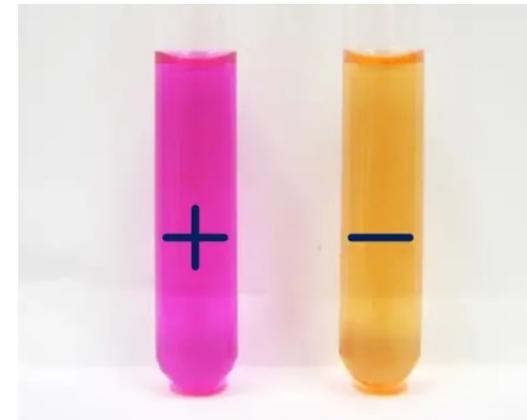
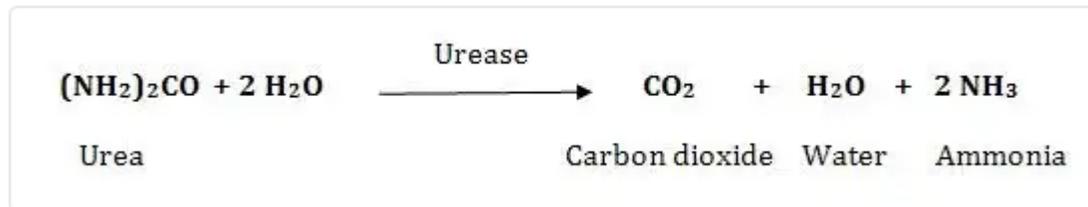
FSDA-Test

- Das Medium Fast-Slow Difference Agar (FSDA) wurde 1984 entwickelt und ist nach wie vor der Standard für die schnelle Differenzierung von schnell und langsam gerinnenden Streptokokken in Milch.
- Vorläufige Tests haben gezeigt, dass FSDA-Medium in flüssiger Form positiv für den Stamm FAM-16834 ist. BM wird als Negativkontrolle verwendet.



Urease-Test

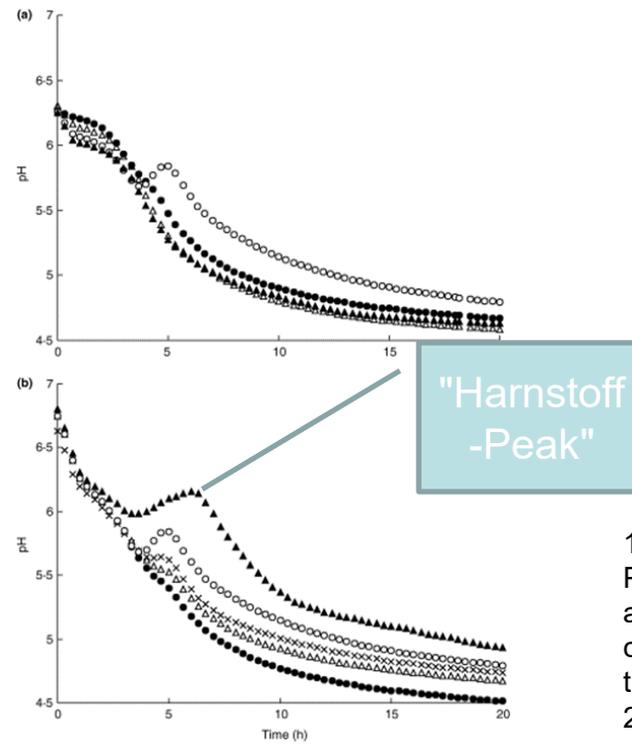
- Dieser Test kann verwendet werden, um *S. thermophilus* zu selektieren, der nicht in der Lage ist, Harnstoff in Milchprodukten zu hydrolysieren.
- Die Alkalisierung führt zu einer **purpurroten Färbung** des Mediums in Gegenwart von **Phenolrot**.





Warum sollte Urease bei der Käseherstellung vermieden werden?

- Kontrolle der Säuerungskinetik der Milch
- Vermeiden von übermässiger Produktion von Ammoniak, das sich in der Käsemolke wiederfindet

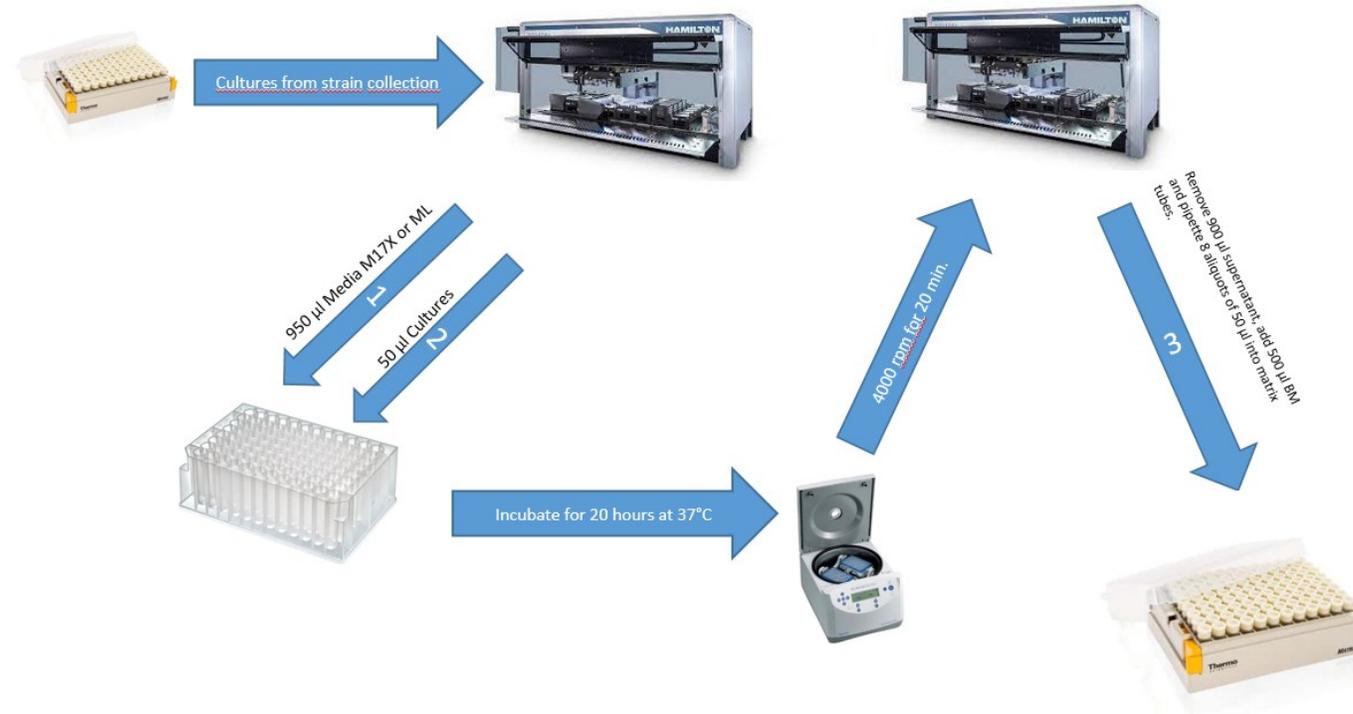


1. Mora D, Maguin E, Masiero M, Parini C, Ricci G, Manachini PL, et al. Characterization of urease genes cluster of *Streptococcus thermophilus*. J Appl Microbiol. 2004;96:209-19.



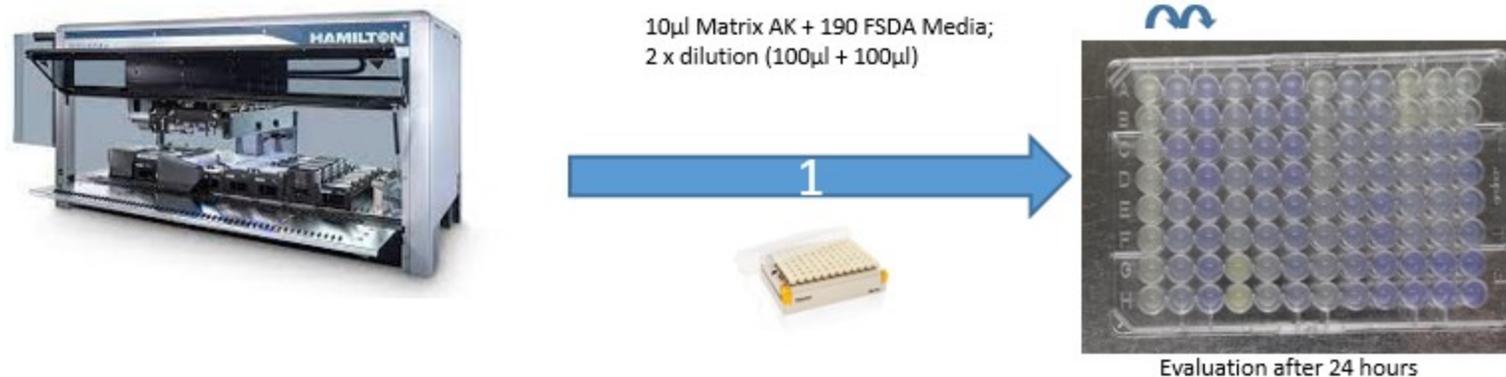
Vorbereitung der Stämme für das Screening

- Getestet wurden 972 Streptokokkenstämme aus der Agroscope-Sammlung.
- 40 Stämme/Woche wurden von der Gruppe "Stammsammlung" im Matrixformat geliefert.
- Mit dem Hamilton-Pipettierroboter haben wir für jeden Stamm 8 Arbeitsröhrchen im Matrixformat vorbereitet und bei -40°C gelagert.



FSDA-Test

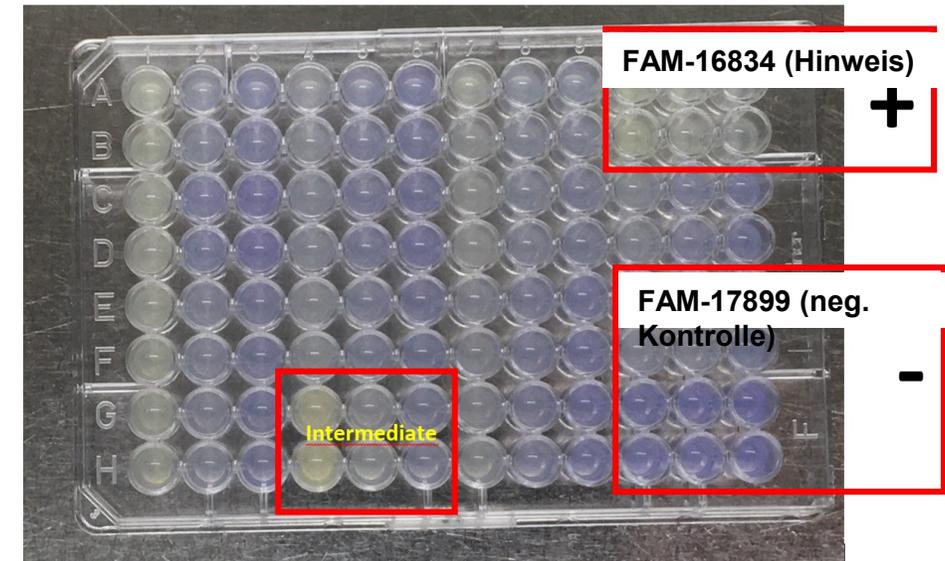
- Der Hamilton-Roboter verteilt 100 μ l FSDA-Medium über die gesamte Mikroplatte und gibt dann 90 μ l in die Spalten 1, 4, 7 und 10. Anschliessend gibt er 10 μ l Arbeitskulturen (Matrix-Format) in dieselben Spalten (Schritt 1).
- Die Stämme werden in doppelter Ausführung pipettiert (Stamm X an den Positionen A1 und B1, Stamm Y an den Positionen C1 und D1 usw.).
- Der Hamilton-Roboter mischt die Vertiefungen in Spalte 1, pipettiert 100 μ l aus Spalte 1 und gibt diese 100 μ l in Spalte 2 ab; er verdünnt auf die gleiche Weise von Spalte 2 nach Spalte 3; dann führt er diese beiden Verdünnungsschritte um den Faktor 2 für die Spalten 4, 7 und 10 durch.
- Nach 24 Stunden Bebrütung bei 37 °C können die Platten visuell ausgewertet werden.





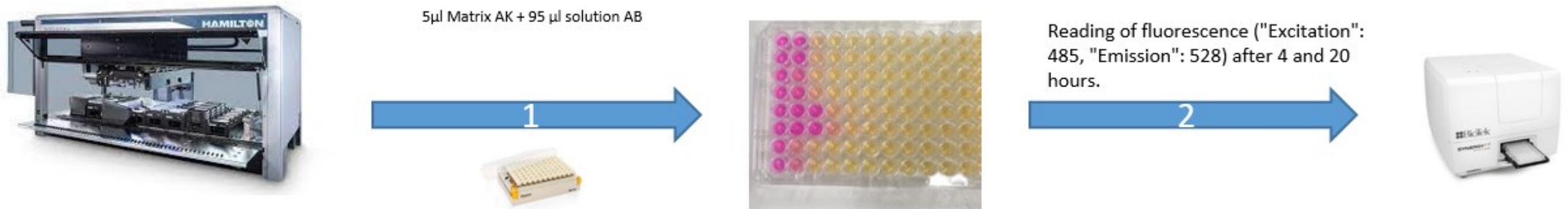
Bewertung des FSDA-Tests

- Der Stamm FAM 16834 erzielte bei den Vortests die besten Ergebnisse und wird als Positivkontrolle verwendet.
- Der Stamm FAM 17899 *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* wird als Negativkontrolle in Magermilch verwendet.
- Der Stamm FAM 16834 ist in den Positionen A10 und B10 (5 %ige Verdünnung), A11 und B11 (2,5 %ige Verdünnung) und A12 und B12 (1,25 %ige Verdünnung) zu finden.
- Der Stamm FAM 17899 ist an den Positionen E10 und F10 (5 %ige Verdünnung), E11 und F11 (2,5 %ige Verdünnung) und E12 und F12 (1,25 %ige Verdünnung) sowie BM an den Positionen G10 bis G12 und H10 bis H12 zu finden.
- Der Stamm an den Positionen G04 und H04 (5 %ige Verdünnung), G05 und H05 (2,5 %ige Verdünnung) und G06 und H06 (1,25 %ige Verdünnung) ist ein Beispiel für eine mittlere Aktivität.



Urease-Test

- Für den Ureasetest pipettiert der Hamilton-Roboter 95 μ l der AB-Lösung (Harnstoff, Phenolrot und Puffer) in alle Vertiefungen der Mikrotiterplatte und beimpft dann die Vertiefungen mit 5 μ l der Arbeitskulturen der Stämme im Matrixformat in doppelter Ausführung (Stamm X in den Vertiefungen A1 und A2, Stamm Y in den Vertiefungen B1 und B2 usw.) (Schritt 1).
- Die Mikrotiterplatte wird bei 37°C bebrütet und nach 4 und 20 Stunden mit einem Mikroplattenlesegerät (Anregung: 485 nm und Emission: 528) ausgewertet (Schritt 2).





Auswertung des Urease-Tests

- Der Stamm FAM 16834 ist positiv für den Urease-Test und wird an den Positionen E11 und E12 (5 % Konzentration) gefunden. Ein Signal <50.000 nach 4 Stunden ergibt ein sehr positives Ergebnis und ein positives Ergebnis nach 20 Stunden.
- Der Stamm FAM 17899 ist im Urease-Test negativ und wird in den Positionen G11 und G12 (5 % Konzentration) gefunden. Ein Signal >80.000 nach 20 Stunden ergibt ein negatives Ergebnis.
- BM zeigt kein Wachstum und befindet sich an den Positionen H11 und H12. Liegt das Signal zwischen 50.000 und 80.000, gibt es kein Wachstum im Brunnen.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	35272	37825	37218	37358	38019	38668	38602	39093	38168	38187	39095	38187
B	35197	38175	38170	38143	37929	37196	37884	37959	35850	38330	37269	38486
C	38177	36509	39543	39478	55921	52997	38040	38828	89911	90577	37733	35830
D	40349	40183	35118	37998	37891	38852	39427	39754	38333	38166	38013	38772
E	35903	38810	38599	36126	37407	37883	38972	39285	63667	63827	38517	38967
F	44937	47139	35852	37175	38420	38511	35162	37919	61584	61705	43553	43726
G	36809	40535	39542	40103	36840	38655	35461	36083	38870	38670	90458	91576
H	37724	34526	61938	62079	37976	38172	39184	35723	38718	39089	63650	63783

Ureaseaktivität

Keine Ureaseaktivität

Keine Wachstum



Ergebnisse

- Stämme, die im FSDA-Test positiv sind oder eine intermediäre Aktivität aufweisen und die im Urease-Test negativ sind oder sich nicht entwickeln, werden mit Hydroplatten getestet:

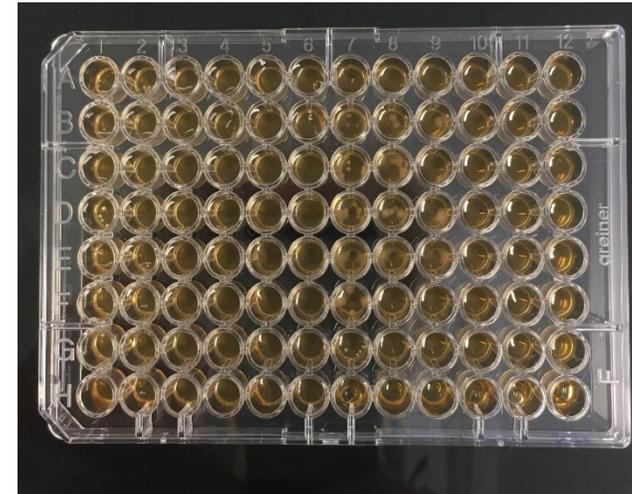
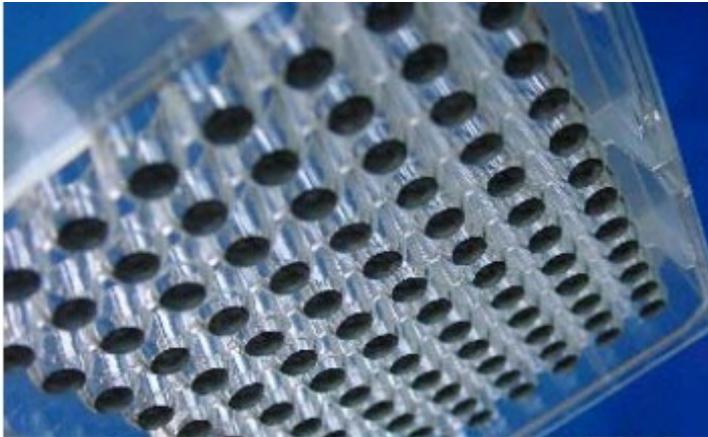
1709	1916	2844	2858	11207	12139	12200	12209
12225	12234	12358	12359	12360	12362	13667	16851
16854	16865	16868	16885	16886	16912	16917	16918
16921	16923	16929	16933	16934	16967	16968	16974
16998	16999	17000	17001	17008	17010	17011	17017
17021	19118	20373	20511	20523	20524	20569	20578
20701	20887	20890	20891	20945	21267	21316	21367
21543	21583	22120	22122	22161	22198	22201	22230
22238	22241	22265	22298	22474	23948	23979	23986
24056	24061	24095	24264	24272	24273	24747	

- Es wurden 972 Stämme getestet
- Die grünen Zellen markieren Stämme, die FSDA-positiv sind.
- In rot geschriebene Stammnummern markieren Stämme, die negativ auf Urease getestet wurden.
- Gelbe Stammnummern kennzeichnen Stämme, die im Ureasetest nicht wachsen.
- Es gibt zwei Stämme, die im Urease-Test kein Wachstum zeigen und im FSDA-Test positiv sind (FAM 20511 und FAM 20524).



Sekundäres Screening

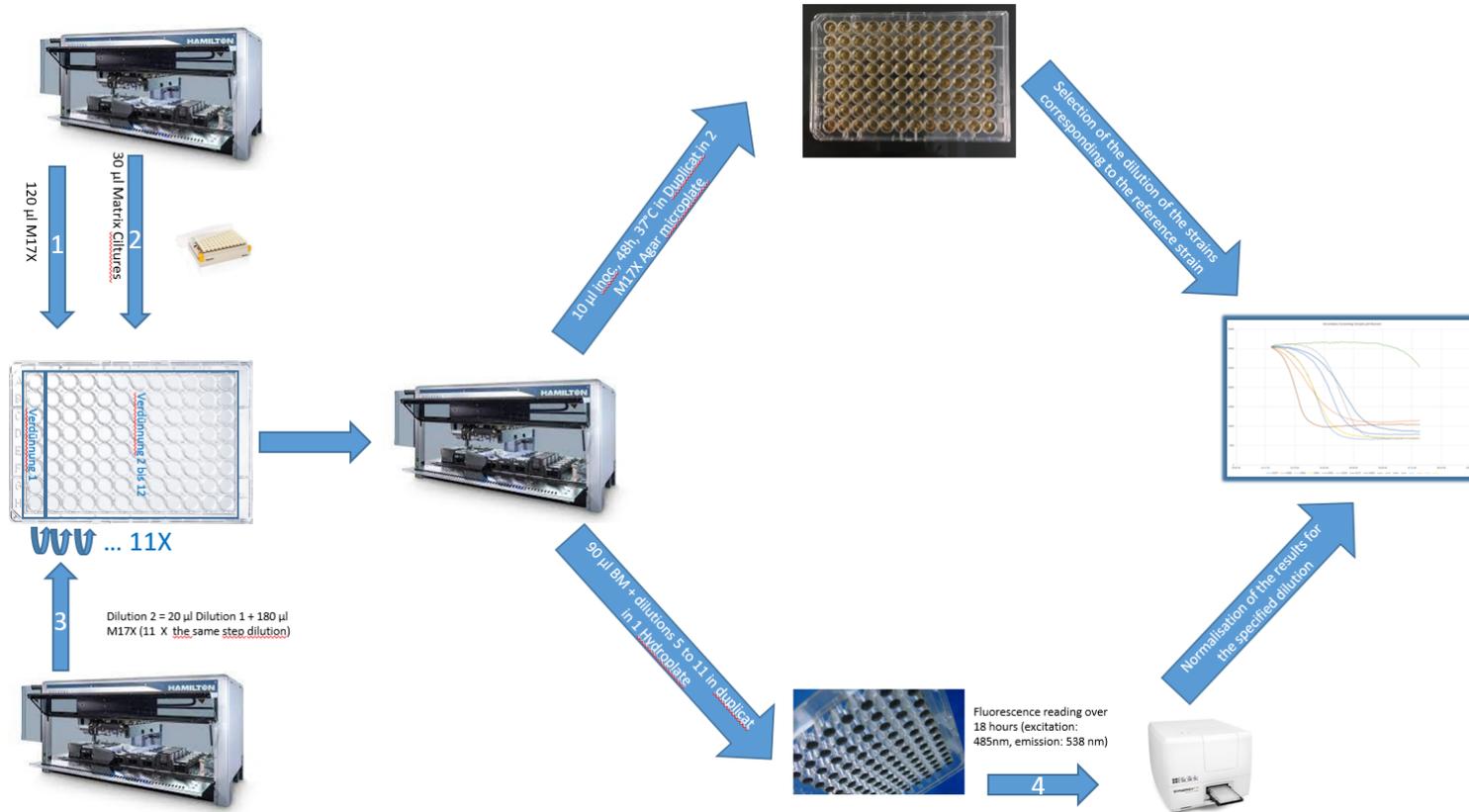
- Durch ein primäres Screening von Streptokokken (Screening der Ureaseaktivität und FSDA von *Streptococcus thermophilus*) konnten wir Stämme auswählen, die gut ansäuern (FSDA-Test) und nicht ureaseaktiv sind. Wir müssen nun feststellen, welche dieser Stämme die Milch am schnellsten ansäuern.
- Die Stämme werden in Verdünnung in Hydroplatten (Mikroplatten mit festem pH-Indikator) und parallel in zuvor mit Agar gefüllten Mikroplatten getestet, um die Konzentration der Kulturen zu bestimmen.





Sekundäres Screening-Verfahren

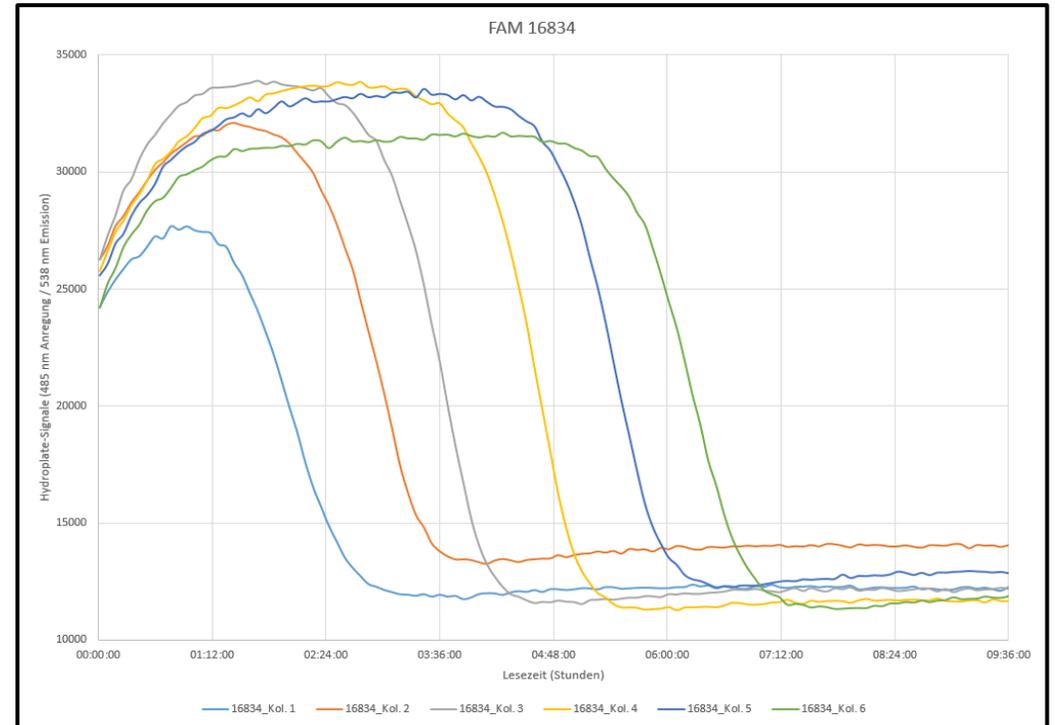
- Der Hamilton-Roboter pipettiert 120 µl Medium in die erste Spalte einer Mikroplatte, gefolgt von 30 µl einer Matrixkultur (Schritte 1 & 2).
- Es fügte 180 µl M17X-Medium zu den Säulen 2 bis 12 hinzu.
- Es werden 1:10-Verdünnungen vorgenommen, wobei 20 µl der Säule 1 in 180 µl der Säule 2, dann 20 µl der Säule 2 in 180 µl der Säule 3 und so weiter bis zur 12.
- 10 µl aus allen Vertiefungen der Mikroplatten werden in zweifacher Ausfertigung in die zuvor mit M17X-Agar gefüllten Mikroplatten beimpft.
- Gleichzeitig bereitet der Hamilton-Roboter eine Hydroplatte mit den Verdünnungen der Spalten 1 bis 6 in doppelter Ausführung vor.
- Die M17X-Agar-Mikroplatten wurden 48 Stunden lang bei 37 °C bebrütet, und die Hydroplatte wurde 18 Stunden lang bei 37 °C (alle 5 Minuten, mit Anregung bei 485 nm und Emission bei 538 nm) mit einem Mikroplattenlesegerät (Synergy H1 von Biotek) bewertet.





Bewertung von Hydroplatten

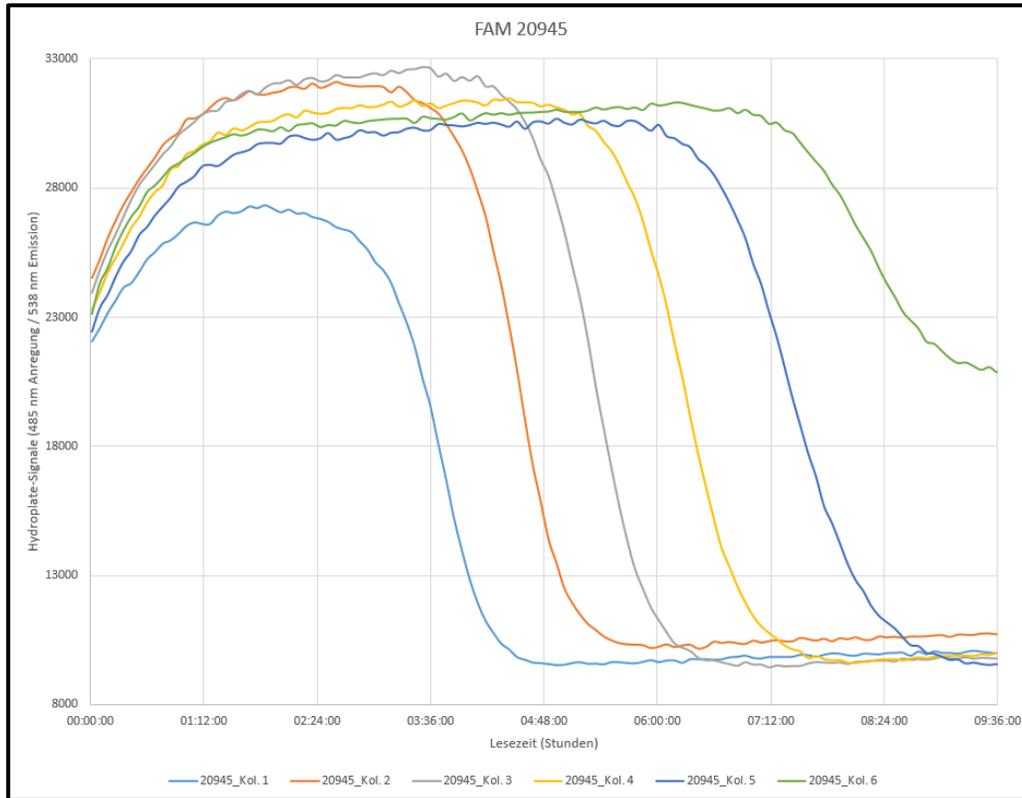
- Der Stamm FAM 16834 wurde als Referenzstamm verwendet und alle Stämme wurden in 6 Verdünnungen (10X) und Duplikaten für Hydroplatten und in 12 Verdünnungen (10X) und Duplikaten für M17X-Mikroplatten getestet.
- Der Stamm FAM 16834 wurde in jeder Serie getestet.



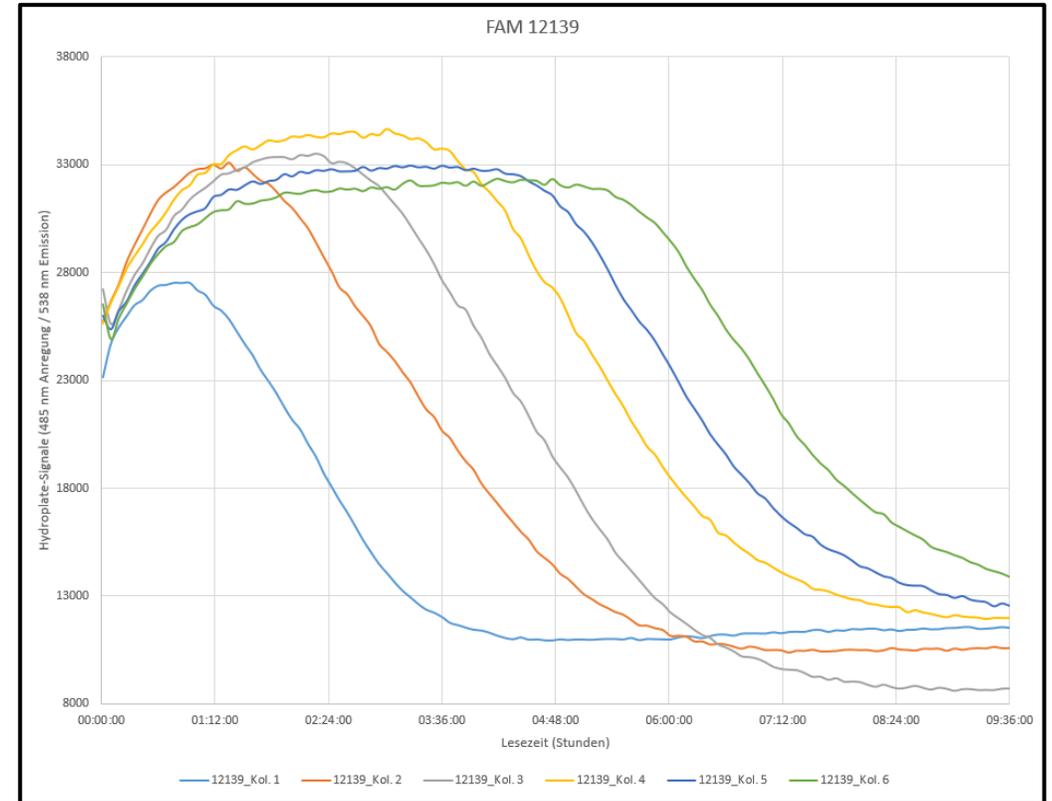
- Beispiel für Hydroplate-Rohkurven für den Referenzstamm FAM 16834 (mit 6 Verdünnungen, die Kolonien auf M17X-Platten zeigen).



Alle Stämme wurden auf die gleiche Weise getestet



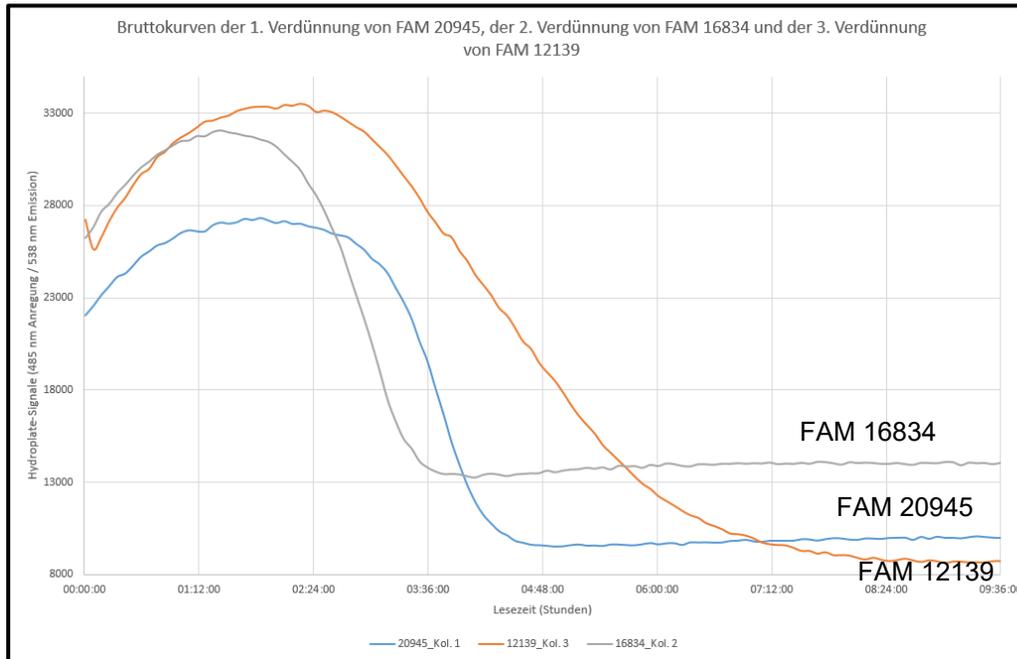
Beispiel für rohe Hydroplattenkurven für den Stamm FAM 20945 (mit 5 Verdünnungen, die Kolonien auf M17X-Platten zeigen).



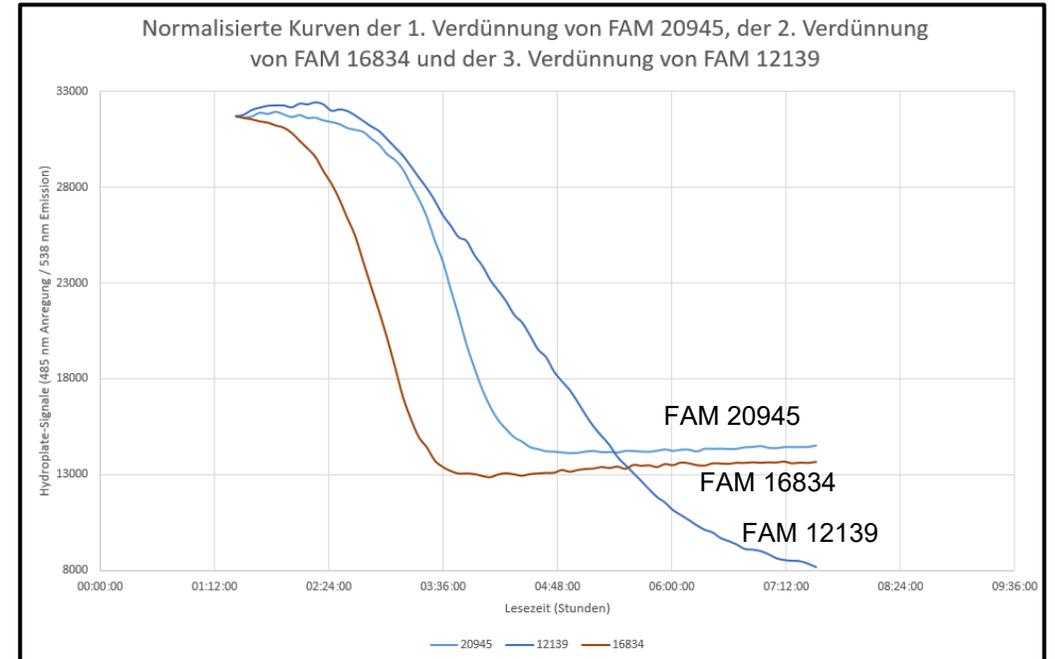
Beispiel für rohe Hydroplattenkurven für den Stamm FAM 12139 (mit 7-8 Verdünnungen, die Kolonien auf M17X-Platten zeigen).



Wenn 6 Vertiefungen der M17X-Mikroplatte mit der Referenz Kolonien aufweisen und FAM 12139 7 Vertiefungen mit Kolonien und FAM 20945 5 Vertiefungen mit Kolonien aufweist, vergleichen wir die Vertiefungen der Hydroplatte mit Verdünnungen 2 für die Referenz, Verdünnungen 3 für FAM 12139 und Verdünnungen 1 für FAM 20945.



Rohkurven für den Referenzstamm (FAM 16834), einen Stamm mit einer geringeren Verdünnung, der in der M17X-Mikroplatte Kolonien zeigt (FAM 20945), und einen anderen Stamm mit einer höheren Verdünnung, der Kolonien zeigt (FAM 12139).



Bei Standardwerten werden die Messungen ab dem Zeitpunkt ausgewertet, an dem der pH-Wert stabil ist.
- Das Hydroplates-Signal wird ebenfalls normalisiert, da der pH-Wert zu Beginn der Messungen in allen Vertiefungen identisch ist. Dazu wird die prozentuale Differenz zum anfänglichen Mittelwert entlang der Kurven addiert oder subtrahiert.

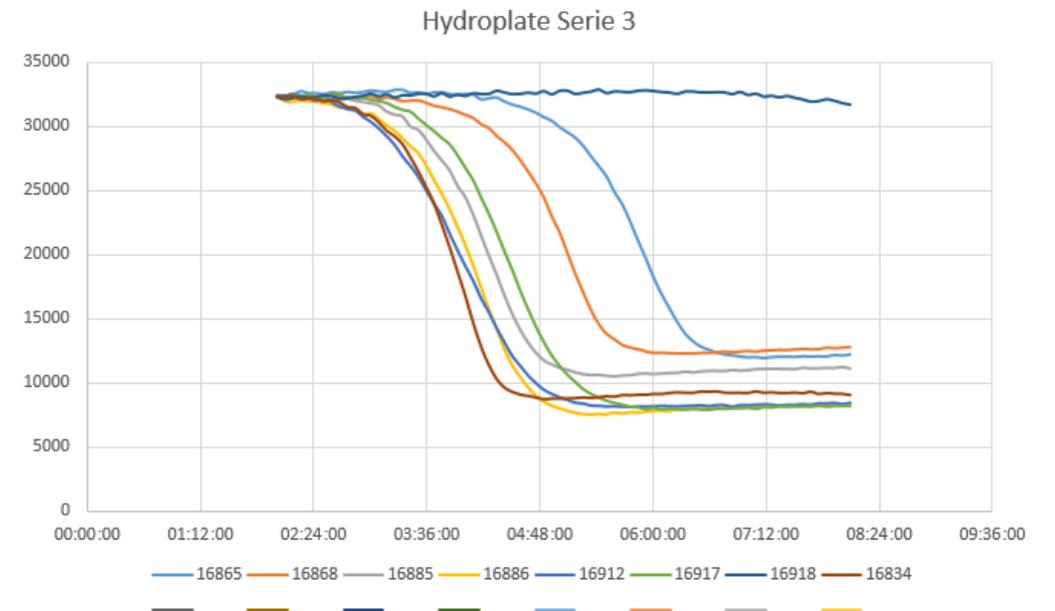


Beispiel für die Ergebnisse für eine Serie

FAM No	Dil. M17X	Hydroplate pH Kurven	Bemerkung
16834	9		
16865	9	+120 Min.	--
16868	9	+75 Min.	-
16885	9	+20 Min.	+
16886	9	+10 Min.	++
16912	9	+5 Min.	++
16917	9	+30 Min.	+
16918	9	N/A	Nur Wachstum in -3 in M17X

Acidification rate compared to FAM 16832:

--: >90 Min., -: >60 Min., +/-: >30 Min., +: >15 Min., ++: <=15 Min.





Ergebnisse der Hydroplatten

FAM No	Hydroplate	Urease	FSDA
24747	-5 Min.	Keine Wachstum	intermediate
16934	0 Min.	+	+
16912	+ 5 Min.	+	+
22230	+ 5 Min.	Keine Wachstum	intermediate
22238	+ 5 Min.	Keine Wachstum	intermediate
16886	+ 10 Min.	+	+
20887	+ 10 Min.	Keine Wachstum	intermediate
20891	+ 15 Min.	Keine Wachstum	intermediate
16885	+ 20 Min.	+	+
20523	+ 25 Min.	+	+
16851	+ 30 Min.	+	+
16854	+ 30 Min.	+	+
16917	+ 30 Min.	Keine Wachstum	intermediate
20524	+ 30 Min.	Keine Wachstum	+
20569	+ 35 Min.	Keine Wachstum	intermediate
20890	+ 35 Min.	-	Intermediate
23986	+ 35 Min.	-	-
20578	+ 40 Min.	-	Intermediate
22265	+ 40 Min.	-	Intermediate
22241	+ 45 Min.	Keine Wachstum	intermediate
23979	+ 45 Min.	+	+
24061	+ 45 Min.	Keine Wachstum	intermediate
11207	+ 50 Min.	+	intermediate
12234	+ 50 Min.	N/A	Intermediate
20945	+ 50 Min.	-	-
23948	+ 50 Min.	+	+
12359	+ 60 Min.	-	Intermediate
16968	+ 60 Min.	-	Intermediate

- 10 % der 20 getesteten Stämme, die mit FSDA-Platten keine Aktivität zeigten, hatten im Vergleich zum Referenzstamm eine Ansäuerungsrate <60 Minuten; 33 % der 49 Stämme, die eine durchschnittliche Aktivität zeigten, und 67 % der 15 FSDA-positiven Stämme.
- Die besten Kandidaten sind Stämme, deren Säuerungsgeschwindigkeit der des Referenzstammes nahe kommt (+/- 30 Minuten): 16851, 16854, 16885, 16886, 16912, 16917, 16934, 20523, 20524, 20887, 20891, 22230, 22238 und 24747.
- Stämme, deren Ansäuerungsrate nicht allzu weit vom Referenzstamm entfernt ist und die negativ auf Urease getestet wurden, können ebenfalls von Interesse sein: 20578, 20890, 22265 und 23986.



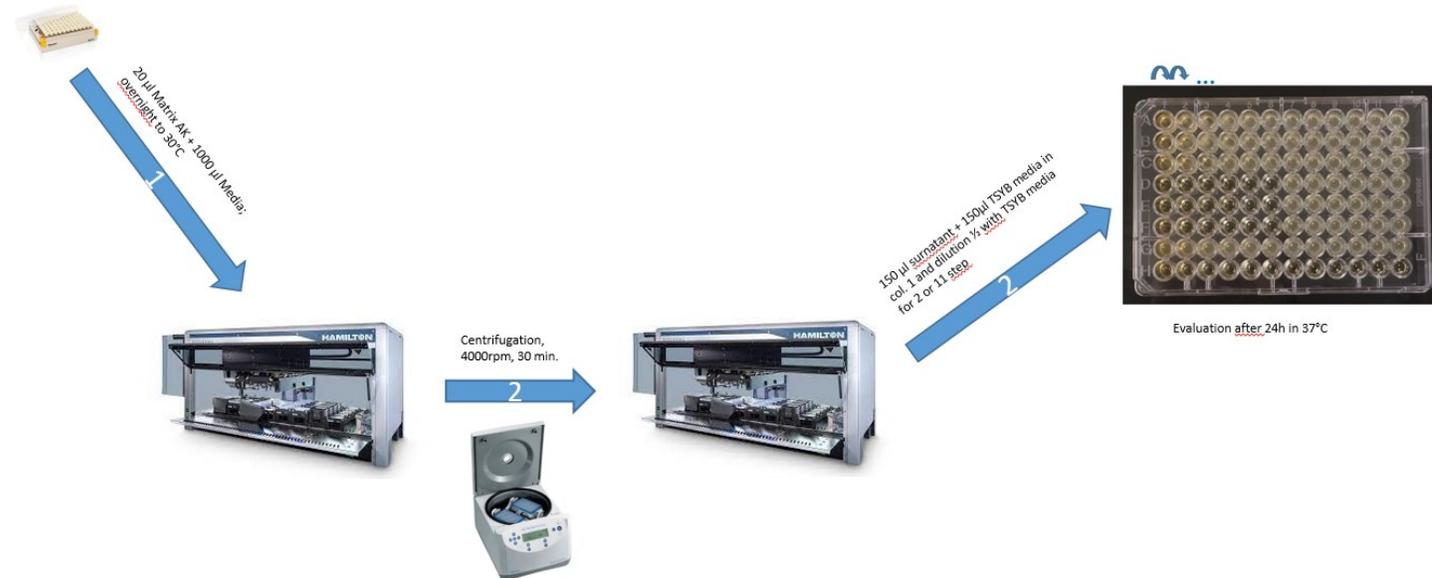
Andere Anwendung(en) des Screening-Systems → Beispiel: Screening auf schützende Kulturen





Allgemeines Verfahren

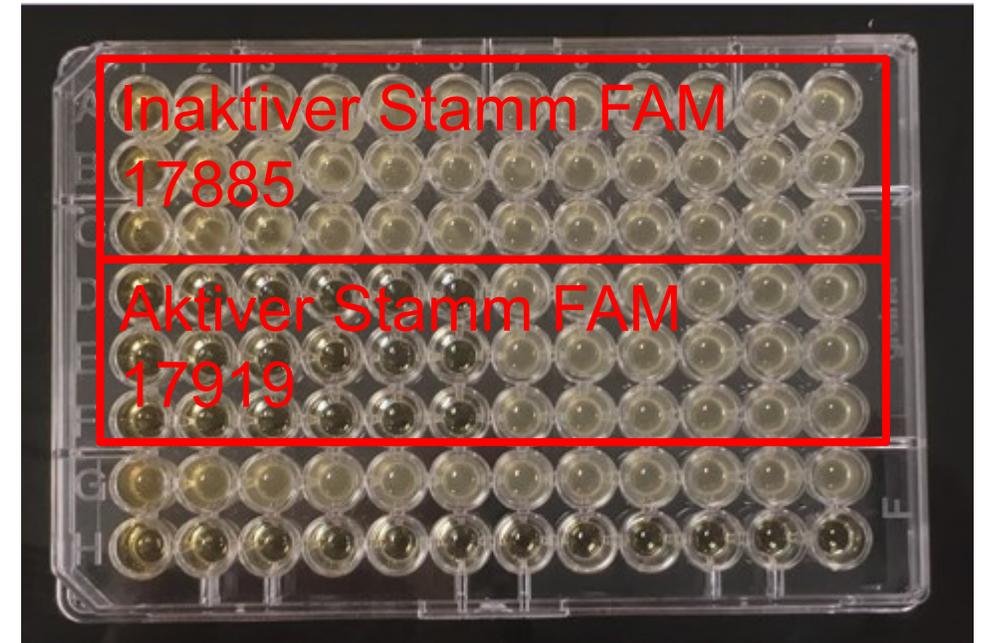
- *Listeria innocua* (FAM-20870) wird in Gegenwart von Kulturüberständen von Stämmen in Verdünnungen, die sein Wachstum hemmen können, ausgesetzt.
- Primäres Screening in 3 Verdünnungen
- Sekundäres Screening in 12 Verdünnungen
- Dieses Screening wurde mit *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* und *Leuconostoc (pseudo) mesenteroides* durchgeführt.





Bewertung der Tests

- Linien A, B und C: 150 µl Lc. (FAM 17885) Überstand in Verdünnungen mit TSYB-Medium und 30 µl L. innocua-Kultur verdünnt 1:10'000 oder 1:100'000.
- Linien D, E und F: Lc. (FAM 17919) Überstand in Verdünnungen mit TSYB und 30µl einer 1:10'000 oder 1:100'000 verdünnten L. innocua Kultur.
- Linie G: EM-Lcl-22-Medium in der gleichen Verdünnung mit TSYB-Medium und 30 µl einer 1:10'000 oder 1:100'000 verdünnten L. innocua-Kultur.
- Linie H: EM-Lcl-22-Medium in der gleichen Verdünnung mit TSYB-Medium, ohne L. innocua.



OD (600 nm)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	0.2011	0.478	0.4813	0.6822	0.5853	0.4809	0.5587	0.4846	0.4298	0.4919	0.5314	0.5062
B	0.4805	0.7545	0.829	0.3768	0.5378	0.5423	0.7367	0.4628	0.4824	0.488	0.5394	0.4949
C	0.4976	0.6564	0.2699	0.5511	0.5368	0.7103	0.5064	0.4748	0.4958	0.4916	0.5001	0.4963
D	0.1037	0.0884	0.0755	0.0689	0.0648	0.0635	0.4135	0.4954	0.4985	0.4809	0.4855	0.483
E	0.1038	0.0864	0.076	0.0794	0.0588	0.0672	0.5004	0.4649	0.4589	0.4564	0.462	0.4688
F	0.1056	0.0862	0.0753	0.0692	0.0669	0.0668	0.384	0.4982	0.4621	0.463	0.453	0.4629
G	0.3827	0.4851	0.5113	0.5334	0.5405	0.5127	0.4928	0.4952	0.4698	0.4551	0.4555	0.4683
H	0.1051	0.0847	0.0766	0.065	0.0659	0.0646	0.0638	0.0621	0.0633	0.0626	0.0627	0.0628



Lactococcus lactis subsp. lactis Testergebnisse

- 362 Stämme in 3 Verdünnungen getestet:
 - 9 aktive Stämme in 1 Verdünnung
 - 2 aktive Stämme in 2 Verdünnungen
 - 7 aktive Stämme in 3 Verdünnungen
- Bestätigung von 7 aktiven Stämmen (in 3 Verdünnungen) in 12 Verdünnungen

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
17919	A	0.1954	0.2695	0.2619	0.1806	0.1993	0.4812	0.4942	0.4034	0.4075	0.4219	0.4309	0.4817
22100	B	0.1172	0.1157	0.0886	0.073	0.067	0.0815	0.4719	0.449	0.4068	0.4377	0.4567	0.5078
24285	C	0.537	0.4551	0.5231	0.5855	0.5573	0.562	0.5201	0.4889	0.4794	0.4432	0.4559	0.4966
24840	D	0.2825	0.4045	0.4916	0.5152	0.5644	0.5694	0.4933	0.4875	0.4747	0.4519	0.4574	0.4909
26406	E	0.139	0.1402	0.1135	0.0824	0.0787	0.1654	0.5284	0.5007	0.4801	0.4519	0.4665	0.4647
26407	F	0.2028	0.139	0.1059	0.082	0.0729	0.111	0.5058	0.4874	0.4848	0.4727	0.4707	0.4556
26409	G	0.1405	0.1486	0.1235	0.0898	0.0856	0.2073	0.4913	0.5021	0.48	0.4729	0.4773	0.4562
27998	H	0.1477	0.099	0.0792	0.0676	0.064	0.0621	0.6347	0.6423	0.6848	0.7024	0.6856	0.6241



Testergebnisse L. (pseudo) mesenteroides

- 180 Stämme getestet in 3 Dil:
- 23 aktive Stämme in 3 Verdünnungen
- Bestätigung von 3 Verdünnungen aktiver Stämme in 12 Verdünnungen

	Listeria diluted 1/100'000 (OD to 600nm)							Listeria diluted 1/10'000 (OD to 600nm)					
	Dilution of sumatant of cultures with Media							Dilution of sumatant of cultures with Media					
	50%	25%	12.50%	6.25%	3.13%	1.56%		50%	25%	12.50%	6.25%	3.13%	1.56%
26305	0.2199	0.4609	0.5294	0.546	0.5085	0.492	26305	0.3235	0.6142	0.5325	0.5405	0.5619	0.449
27655	0.0996	0.0772	0.0665	0.0637	0.3677	0.471	27655	0.0961	0.2294	0.0803	0.1043	0.4224	0.4366
27656	0.0959	0.5176	0.6372	0.6264	0.6219	0.5067	27656	0.1782	0.4271	0.5129	0.5622	0.5852	0.4962
27657	0.0955	0.1118	0.0656	0.0635	0.292	0.4599	27657	0.3169	0.2369	0.2305	0.3088	0.3468	0.3934
27937	0.134	0.4615	0.5874	0.5933	0.5777	0.4962	27937	0.3391	0.4745	0.5113	0.5185	0.5367	0.4757
17903	0.0988	0.0872	0.0671	0.5458	0.1349	0.3966	17903	0.2305	0.2231	0.1992	0.3619	0.4137	0.4087
18379	0.422	0.5802	0.5322	0.6231	0.5866	0.503	18379	0.4031	0.6277	0.5228	0.6361	0.5628	0.5102
22488	0.1199	0.3826	0.496	0.4324	0.5317	0.3913	22488	0.2292	0.3345	0.4007	0.48	0.5443	0.4503
24132	0.2212	0.5467	0.6451	0.6872	0.5752	0.5063	24132	0.3613	0.5953	0.6741	0.761	0.6142	0.5018
24139	0.6173	0.581	0.6111	0.6014	0.5459	0.5262	24139	0.6958	0.6504	0.5671	0.5555	0.5788	0.4811
24140	0.1236	0.3824	0.556	0.6146	0.5953	0.5414	24140	0.1777	0.4249	0.43	0.4655	0.5168	0.5126
24141	0.7627	0.6251	0.5445	0.519	0.5236	0.4873	24141	0.7188	0.6234	0.522	0.4613	0.451	0.4918
24142	0.1726	0.4742	0.4828	0.5285	0.5155	0.4498	24142	0.1955	0.4769	0.426	0.4602	0.5242	0.5265
24145	0.1496	0.3237	0.4235	0.5384	0.6032	0.5002	24145	0.2011	0.4238	0.4907	0.5595	0.5327	0.4738
24146	0.3626	0.4063	0.5262	0.5368	0.562	0.5436	24146	0.1909	0.3702	0.6098	0.6319	0.591	0.5703
24149	0.1267	0.4036	0.5503	0.579	0.5897	0.5	24149	0.341	0.42	0.4572	0.4501	0.5024	0.5257
24151	0.1727	0.4271	0.4421	0.459	0.4697	0.4159	24151	0.1861	0.407	0.458	0.4707	0.4708	0.468
24179	0.0958	0.0781	0.0658	0.0905	0.421	0.4755	24179	0.2965	0.2079	0.213	0.2647	0.4567	0.4613
24180	0.0952	0.0897	0.0658	0.1709	0.4124	0.4656	24180	0.226	0.2007	0.2523	0.3997	0.4463	0.4609
24181	0.334	0.3897	0.4428	0.3689	0.3615	0.3569	24181	0.324	0.3949	0.4261	0.3883	0.3829	0.3853
24182	0.3979	0.2811	0.4421	0.4822	0.5585	0.4737	24182	0.2744	0.3705	0.444	0.4674	0.454	0.4306
25292	0.1967	0.2639	0.284	0.0657	0.389	0.5069	25292	0.2519	0.197	0.3041	0.3807	0.3582	0.5169
25293	0.1038	0.0831	0.0675	0.0754	0.4355	0.492	25293	0.1517	0.1186	0.1903	0.2935	0.4902	0.518
25294	0.1024	0.0808	0.0678	0.1146	0.4781	0.4926	25294	0.2389	0.1555	0.0687	0.2553	0.4895	0.5005
25295	0.1822	0.1086	0.0662	0.0645	0.2859	0.467	25295	0.1776	0.1054	0.1991	0.1265	0.4132	0.4597
25297	0.3891	0.0801	0.067	0.1806	0.4922	0.4993	25297	0.1318	0.129	0.1117	0.4043	0.5196	0.4951
25299	0.7622	0.7624	0.6817	0.675	0.6258	0.5296	25299	0.8308	0.8363	0.7217	0.6843	0.6168	0.5386
25888	0.3148	0.6317	0.6704	0.638	0.586	0.5394	25888	0.4793	0.6462	0.6173	0.6098	0.5114	0.433



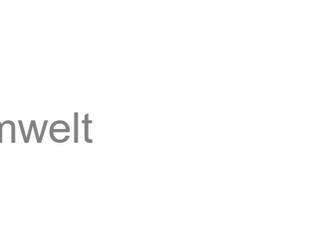
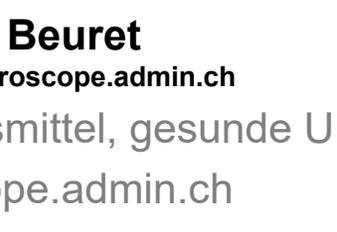
Schlussfolgerungen

- Der Einsatz von Automatisierungssystemen (Hamilton-Roboter) ermöglicht ein schnelles Screening mit hohem Durchsatz
- Nur die vielversprechendsten Kandidaten müssen in grossem Massstab bewertet werden
- Das System kann auf jeden Assay angewendet werden, der auf Mikroplatten übertragen werden kann.
- In Matrixröhrchen verfügbare Stämme können auf jede gewünschte Aktivität untersucht werden

→ Schnelle und bessere Charakterisierung von grossen Stammsammlungen

→ Schnellere Korrelation mit Daten aus WGS

→ Auch mit Käsematrix möglich



Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit

Vincent Beuret

vincent.beuret@agroscope.admin.ch

Agroscope gute Lebensmittel, gesunde Umwelt

www.agroscope.admin.ch

