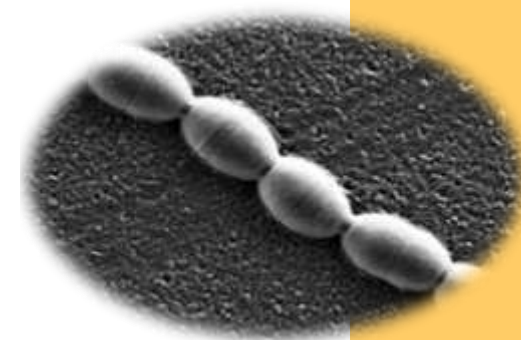


A.I.T.e.L.  
LATTE E DERIVATI: RICERCA,  
INNOVAZIONE E VALORIZZAZIONE



Microbiota delle scalere coinvolto  
nella colorazione arancione-rossa  
del formaggio Fontina:  
investigazione attraverso 454-  
pyrosequencing



Latte crudo intero da singola mungitura



Inoculo fermenti autoctoni e aggiunta caglio



$10^5$  to  $10^6$  Log UFC/ ml

Coagulazione (T 34 – 36 °C)



Rottura cagliata



Spinatura su fuoco (48°C)



Spinatura fuori fuoco



Giacenza (almeno 10 min)



Estrazione cagliata



Messa in forma e pressatura



Salatura



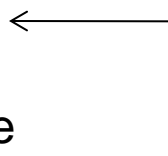
Trasferimento in magazzino  
di stagionatura



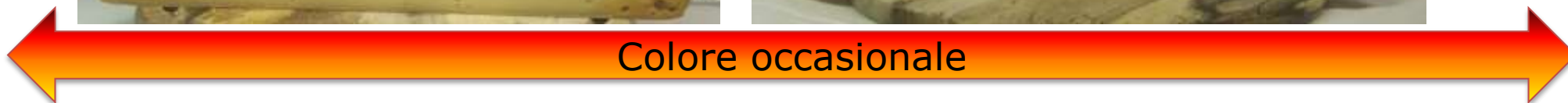
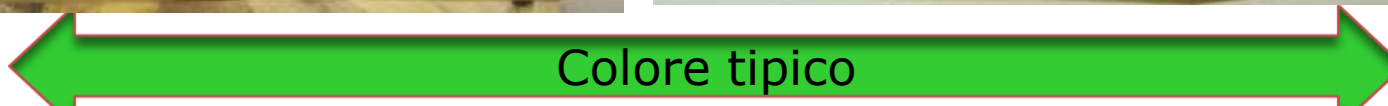
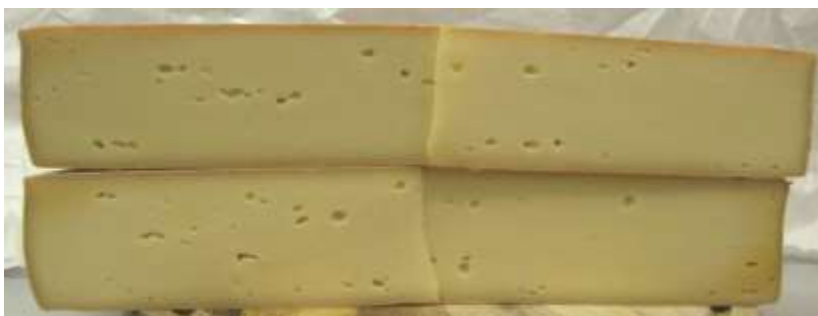
Maturazione (almeno 80 giorni)



Classificazione e marchiatura da parte  
del Consorzio Produttori e Tutela della  
DOP Fontina







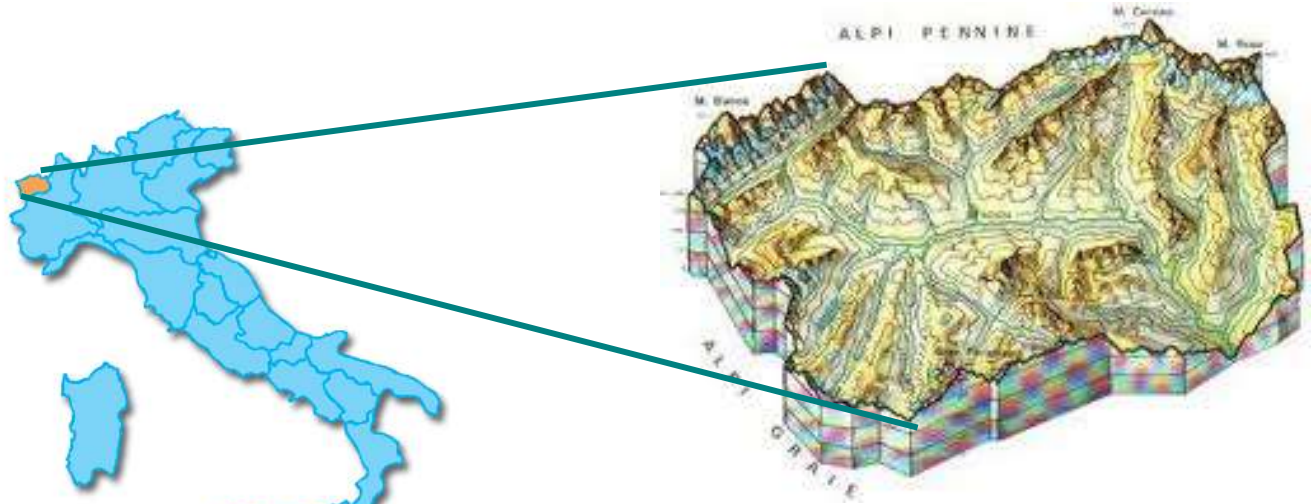
Il progetto è nato per rispondere alle domande:

Può la colorazione anomala della fontina essere dovuta a una particolare popolazione microbica?

Se sì, è più un problema ambientale di magazzino (scalere) o di altra origine a monte della caseificazione?

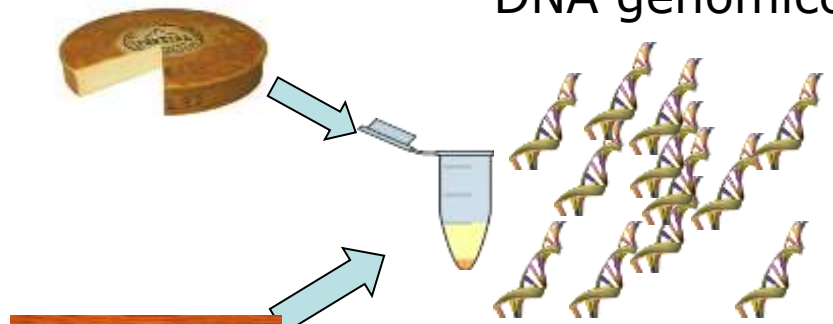
# Progetto *Pyro-Fontina*

Elena Franciosi

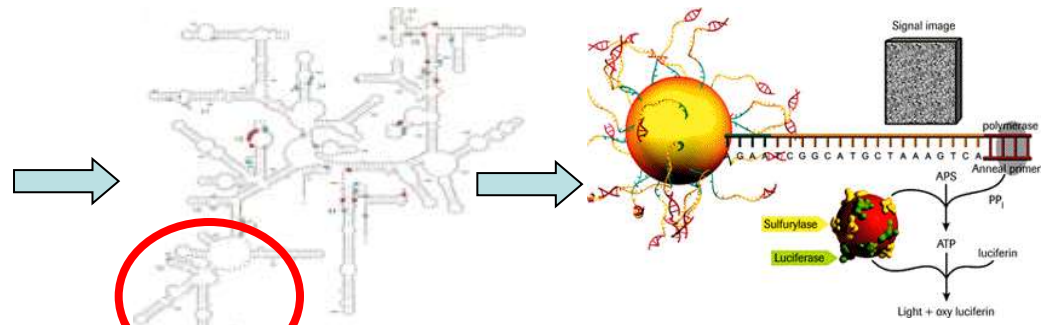


Campioni di formaggio  
 (3 mese stagionatura)

DNA genomico

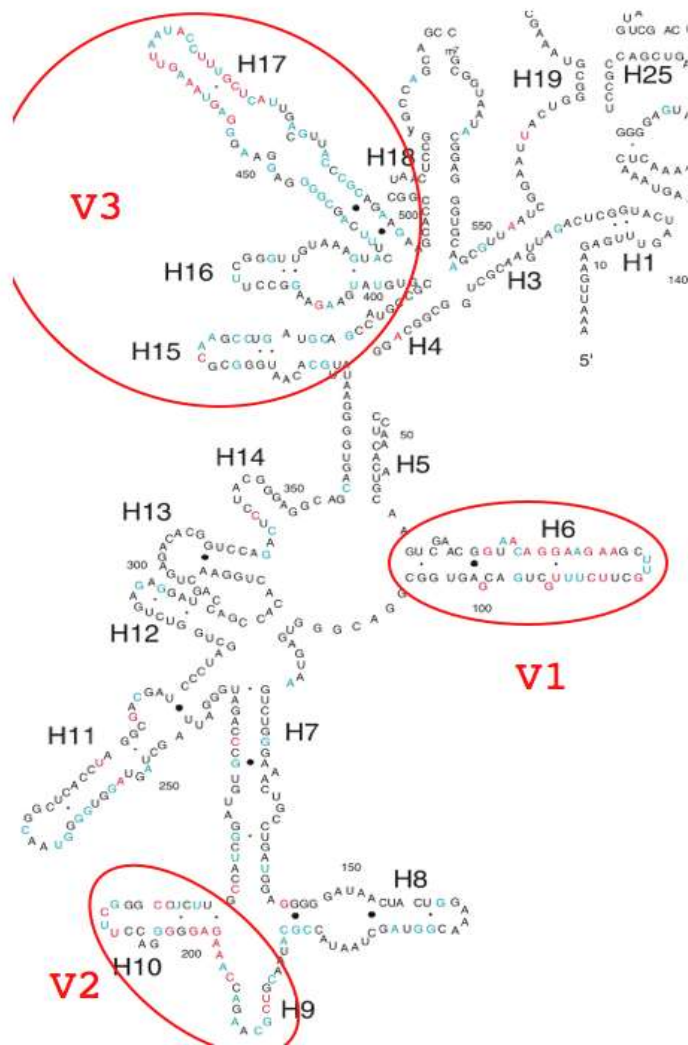
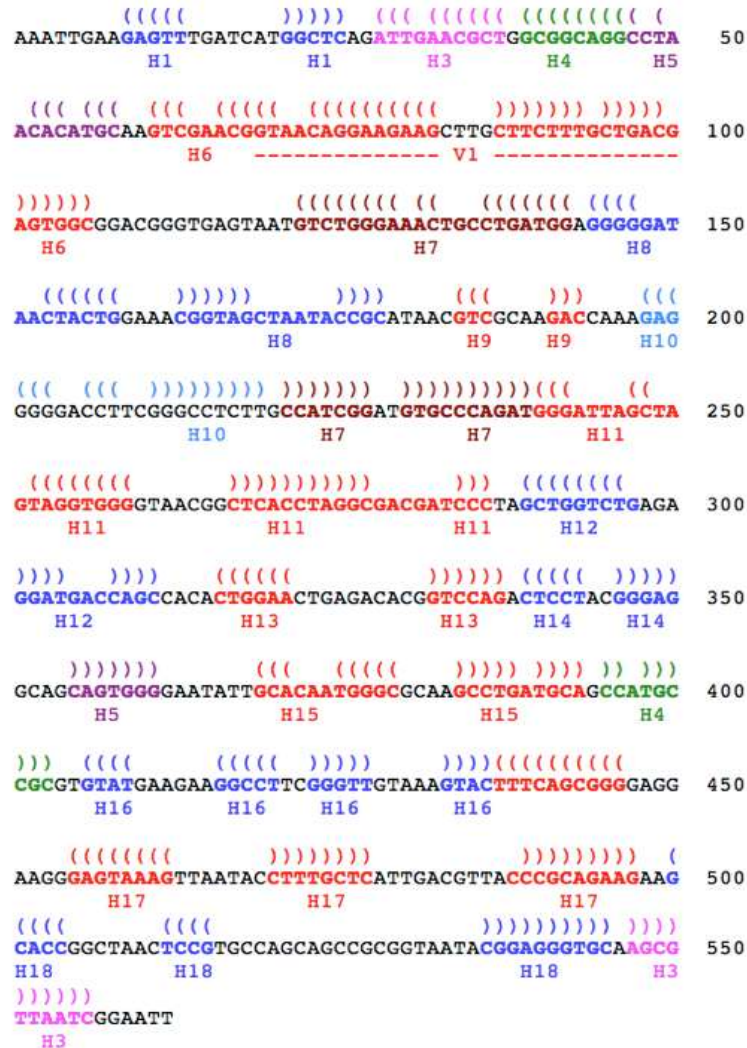


Campioni di Scalere



**454-sequencing**

E' stata amplificata la regione V1-V3 del 16S con primer F8-R533



## Piano sperimentale:

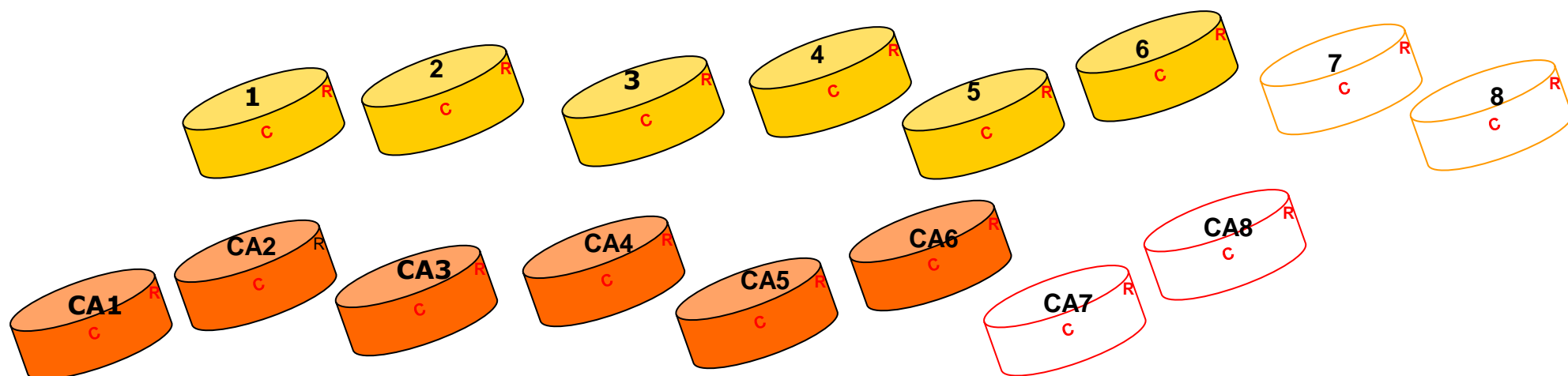
Sono state campionate:

8 forme di Fontina a colorazione regolare

8 forme di Fontina a colorazione anomala (CA) Arancione Rossa

Tutte le forme sono state campionate sia nel centro che nel sottocrosta

Totale = 32 campioni di formaggio



Inoltre sono stati presi 16 campioni ambientali corrispondenti alle 16 scalere su cui erano locati i formaggi a stagionare quindi

- 8 campioni da scalere che hanno dato formaggi a colorazione regolare
- 8 campioni da scalere che hanno dato formaggi a colorazione anomala CA



1/4 plate 12 campioni ambientali:  
Batteri

1/4 plate 12 campioni ambientali:  
Lieviti

1/2 plate: 24 campioni formaggio  
fontina:  
Batteri



**570,247 reads**

Read = sequenza

**Analisi del DataSet tramite QIIME**

**Filtro DataSet**

**267,754 reads  
(formaggio)**

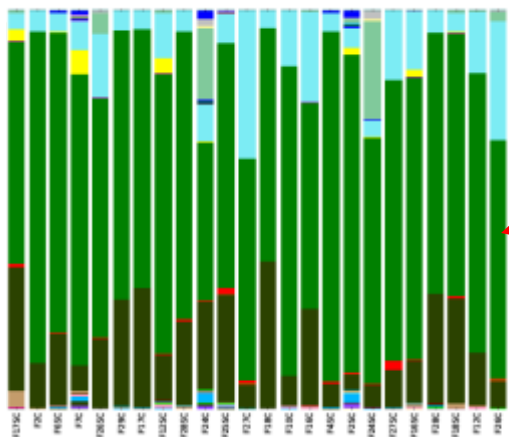
**123,214 reads  
(scalere)**

**Raggruppamento reads in OTUs**

(OTU è un gruppo di reads con sequenza omologa almeno al 97%)

**5,946 OTUs  
(formaggio)**

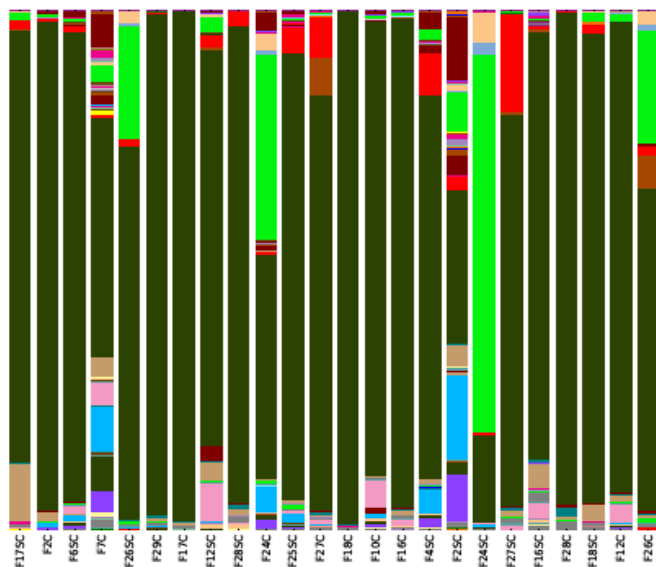
**2,784 OTUs  
(scalere)**



*Starter: streptococchi e lattococchi*

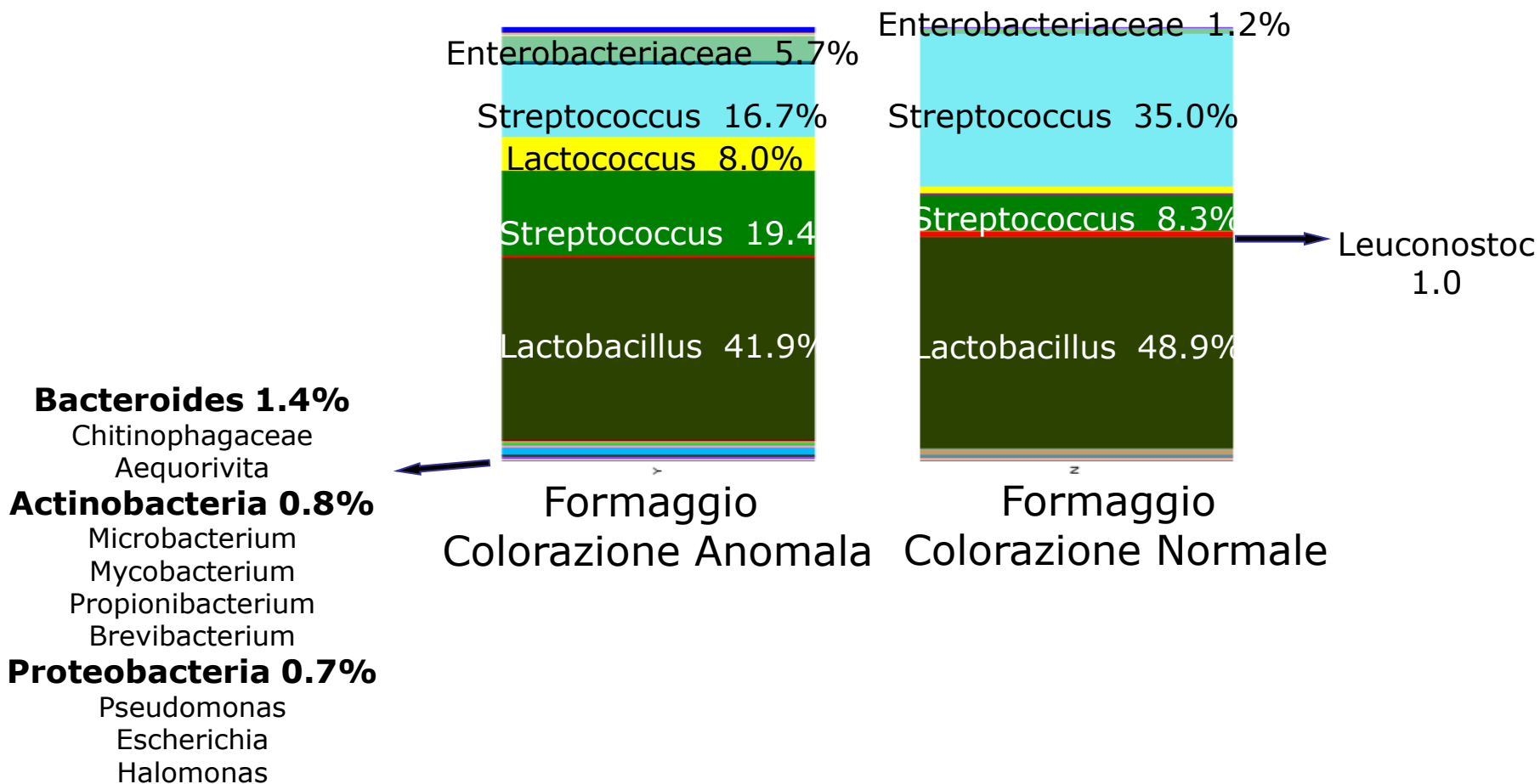
La presenza dello starter (verde) copre le popolazioni subdominanti e non permette di fare ulteriori considerazioni

Togliendo lo starter si nota comunque una dominanza dei *Firmicutes*

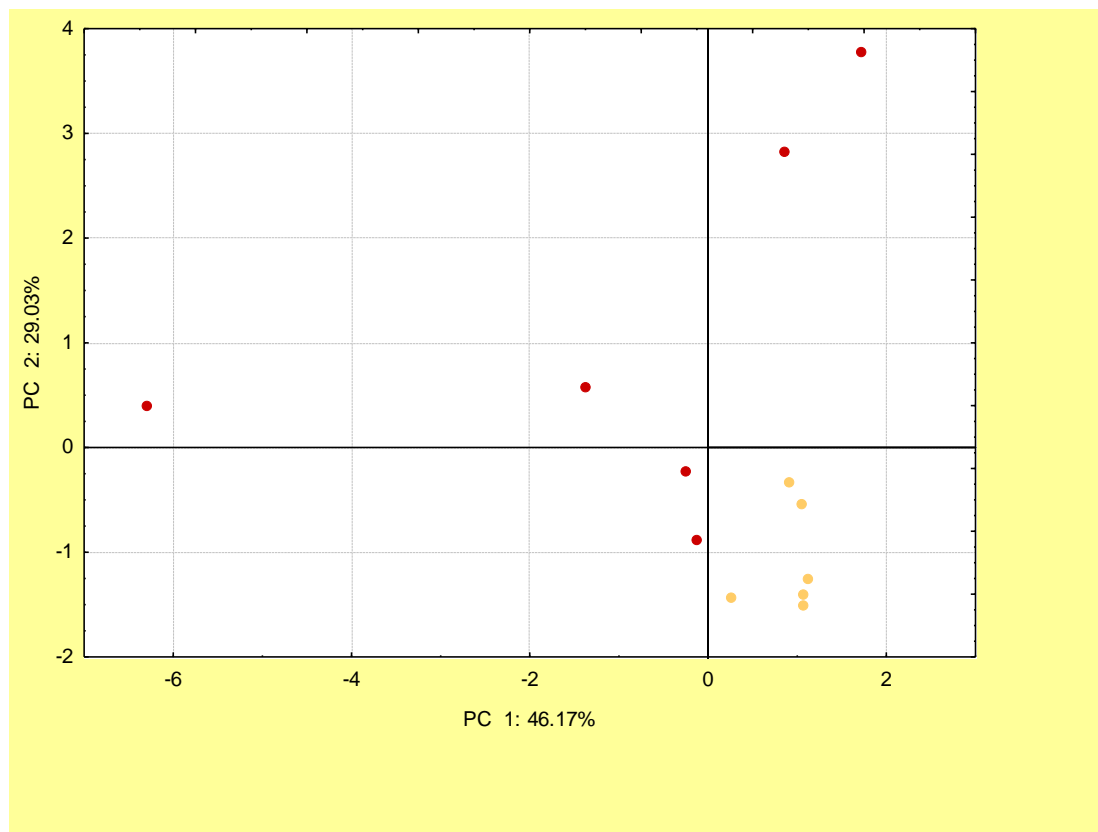


*Leuconostoc spp.*

*Lactobacillus*



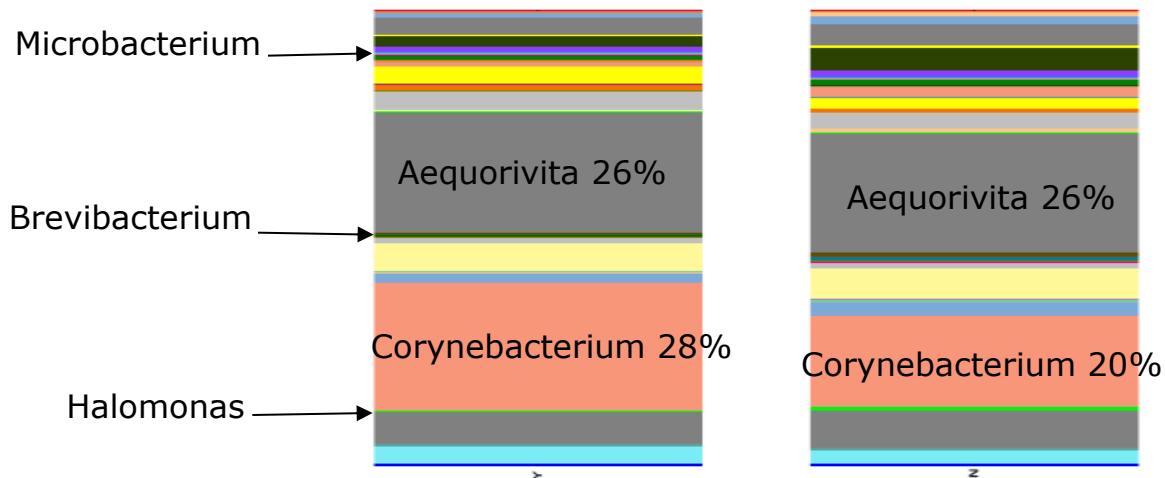
• Formaggi Colorazione Anomala    • Formaggi Colorazione Normale



*Brevibacterium*  
*Corynebacterium*  
*Microbacterium*  
*Aequorivita*  
*Halomonas*

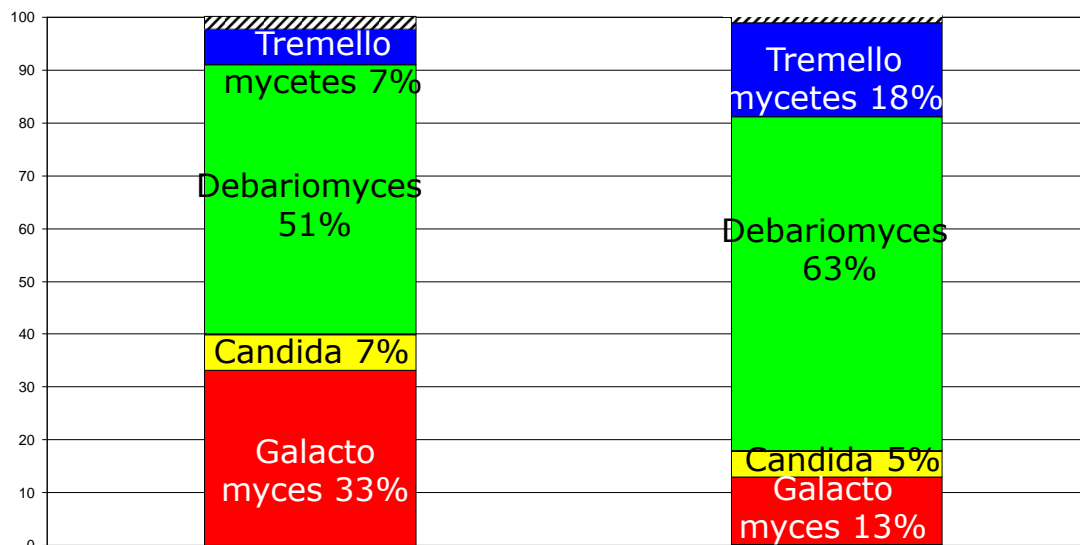
*Mycobacterium*  
*Propionibacterium*  
*Chitinophaga*  
*Escherichia*  
*Pseudomonas*

# Risultati Scalere



Popolazione **batterica**

**Scalere Colorazione Anomala**      **Scalere Colorazione Normale**



Popolazione dei **lieviti**

# Conclusioni

La popolazione microbica della Fontina è dominata a 3 mesi di stagionatura dalle specie dello starter aggiunto e in particolare *Sc. thermophilus* e *Lc. lactis* (75% delle sequenze)

Dall'analisi della composizione batterica del **formaggio** dominante (starter) e sub dominante non si possono trovare differenze significative tra centro e sottocrosta

La popolazione batterica sub-dominante del **formaggio** era composta da *Actinobacteria*, *Bacteroides* e *Proteobacteria*

E' stata evidenziata la presenza dei generi *Corynebacterium*, *Brevibacterium*, *Microbacterium* sia nei **formaggi con colorazione anomala** che sulle relative **scalere** di stagionatura

Le **scalere** che davano colorazioni anomale presentavano alte percentuali di *Galactomyces* (33% contro il 13% presente sulle scalere "normali") e minori di *Debariomyces* (51% contro 63%) e *Tremellomycetes* (7% contro 18%)

E' in corso di valutazione sempre tramite 454-pyrosequencing il cambiamento del microbiota sulle scalere prima e dopo lavaggio con acqua calda o con ozono

Luca Verneti  
Rita Pramotton  
Simona Zenato  
Andrea Barmaz

Elena Franciosi  
Ilaria Carafa  
Kieran Tuohy



Institut Agricole Régional



FONDAZIONE  
EDMUND MACH



**Grazie per la vostra  
attenzione!**

**... "cheeeese"**

