

(19)



Евразийское
патентное
ведомство

(21) 202290471 (13) A1

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ЕВРАЗИЙСКОЙ ЗАЯВКЕ

(43) Дата публикации заявки
2022.06.02

(22) Дата подачи заявки
2020.08.21

(51) Int. Cl. C07K 14/195 (2006.01)
A23C 9/123 (2006.01)
C12N 9/10 (2006.01)
C12N 9/14 (2006.01)
C12R 1/46 (2006.01)

(54) ТЕКСТУРИРУЮЩИЕ L. LACTIS С УНИКАЛЬНЫМИ КЛАСТЕРАМИ ГЕНОВ EPS

(31) 19193303.5; 19193305.0; 19193307.6;
19193308.4; 19193299.5; 19193310.0;
19193312.6; 19193313.4; 19193315.9;
19193316.7; 19193295.3

(32) 2019.08.23

(33) EP

(86) PCT/EP2020/073522

(87) WO 2021/037738 2021.03.04

(71) Заявитель:
КХР. ХАНСЕН А/С (DK)

(72) Изобретатель:
Польсен Вера Кузина, Оэрегорд
Гуннар, Могхадам Элахе Гханей (DK)

(74) Представитель:
Поликарпов А.В., Соколова М.В.,
Путинцев А.И., Черкас Д.А., Игнатъев
А.В., Билык А.В., Дмитриев А.В.,
Бучака С.М., Бельтюкова М.В. (RU)

(57) В настоящем изобретении предложены новые штаммы молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, обладающие улучшенными текстурирующими свойствами, и способы применения указанных штаммов для получения пищевых продуктов.

A1

202290471

202290471

A1

PCT/EP2020/073522

МПК: C07K 14/195 (2006.01) C12N 9/14 (2006.01)

A23C 9/123 (2006.01) C12R 1/46 (2006.01)

C12N 9/10 (2006.01)

ТЕКСТУРИРУЮЩИЕ *L. LACTIS* С УНИКАЛЬНЫМИ КЛАСТЕРАМИ ГЕНОВ EPS

ОБЛАСТЬ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Настоящее изобретение относится к новым штаммам бактерии *Lactococcus lactis* (LAB), обладающих улучшенными текстурирующими свойствами. Настоящее изобретение также относится к способам применения штаммов для получения пищевых продуктов и к пищевым продуктам, содержащим штаммы.

ПРЕДШЕСТВУЮЩИЙ УРОВЕНЬ ТЕХНИКИ

Молочнокислые бактерии (LAB) широко применяются в пищевой промышленности для ферментации пищевых продуктов. Превращение свежего молока в ферментированное молоко при помощи LAB представляет собой способ увеличения времени хранения молока и создания вкуса, а также текстуры.

Таким образом, важные признаки штаммов, используемых для ферментации молока, включают быстрое закисление, стабильное (отсутствующее/низкое) пост-закисление, длительный срок хранения и хорошая текстура. Хорошая текстура обычно представляет собой высокую густоту и вязкость во рту (измеряемую при помощи реометра как высокое напряжение сдвига), а также высокую плотность геля.

Некоторые штаммы LAB существенно способствуют улучшению текстуры в связи с их способностью производить экзо- (или внеклеточные) полисахариды (EPS), которые могут быть капсульными (оставаться присоединенными к клетке в форме капсулы) или секретироваться в среду. EPS состоят либо из сахаров одного типа (гомо-экзополисахариды), либо из повторяющихся звеньев, построенных из различных сахаров (гетеро-экзополисахариды). EPS-производящие LAB представляют интерес, поскольку EPS действуют как естественные загустители и улучшители текстуры ферментированных продуктов. Более того, EPS из LAB, пригодный для применения в пищевой промышленности, обладающие определенными реологическими свойствами, представляют потенциальный интерес для разработки и применения в качестве пищевых добавок. Известно, что EPS улучшают реологические свойства ферментированных LAB

продуктов, за счет влияния на вязкость, синерезис, плотность и органолептические свойства. Основные структурные характеристики (тип и конфигурация моносахарида, гликозидная связь, несхарные элементы, заряд), конформация и молекулярная масса, количество полисахарида и взаимодействие полисахарида с другими компонентами системы - все это факторы, которые могут способствовать и влиять на указанные техно-функциональные свойства (Zeidan *et al.*, 2017).

Ферментированное молоко можно производить с применением мезофильных LAB, например, *Lactococcus* sp. для получения, например, простокваши, или термофильных LAB, например, *Streptococcus thermophilus* и *Lactobacillus delbruckii* subsp. *bulgaricus* для йогурта. Такие молочные продукты, как молодой сыр, пахта, простокваша и сметана, полученные с применением мезофильных стартерных культур, таких как *Lactococcus lactis*, пользуются высокой популярностью у потребителей. Кроме того, растет рынок продуктов, являющихся альтернативой молочным, где могут играть роль *L. lactis*, осуществляющие ферментацию исходных продуктов растительного происхождения. Растет спрос со стороны потребителей с непереносимостью лактозы и аллергией на молоко, а также потребителей, беспокоящихся о наличии гормонов и холестерина в коровьем молоке, заботящихся о благополучии животных и влиянии продуктов животного происхождения на окружающую среду. Кроме того, вегетарианская диета считается более здоровой чем диета на основе потребления мяса (Tangyu *et al.*, 2019).

Описаны некоторые текстурирующие штаммы *L. lactis*, например, NIZO B40, SMQ-461, Ropy352, JFR1, Lli3, Lli8 (см. обзор Poulsen *et al.*, 2019). Расшифрована структура EPS NIZO B40 и функционально охарактеризованы гены, ответственные за биосинтез EPS (Kleerebezem *et al.*, 2002).

Pan and Mei (2010) охарактеризовали EPS, производящийся *L. lactis* subsp. *lactis*, выделенного из китайской квашеной капусты, однако неизвестно, способен ли этот штамм закислять молоко и способствовать его текстуре. У данного штамма не описаны гены *eps* (Pan and Mei, 2010). Suzuki *et al.* (2013) опубликовали последовательности высоко консервативного гена *epsD* и штаммо-специфичного гена *epsE* у пяти штаммов лактококков, два из которых относятся к подвиду *lactis* биовару *diacetylactis* и два к подвиду *cremoris*. Однако, нет информации ни о полной последовательности кластера

генов *eps*, ни о способности EPS, продуцируемых указанными штаммами, улучшать текстуру молока.

WO 2017/108679 относится к новому штамму *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 29291, который обладал наибольшим напряжением сдвига из восьми различных протестированных штаммов *L. lactis* subsp. *lactis*, как по результатам полного мониторинга аспирации и дозирования (TADM), так и по показаниям реометра (см. Пример 1 и Фиг. 1 из WO 2017/108679).

Поскольку мезофильные культуры применяются для ферментированных молочных продуктов, и текстура является важным показателем, существует потребность в дополнительных текстурирующих мезофильных штаммах, в частности, в улучшенных текстурирующих мезофильных штаммах, например, текстурирующих штаммах *Lactococcus lactis*.

КРАТКОЕ ИЗЛОЖЕНИЕ СУЩНОСТИ ИЗОБРЕТЕНИЯ

В первом аспекте настоящее изобретение относится к штамму молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащему активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит следующие нуклеотидные последовательности ((a), (b) и (c), в зависимости от конкретного случая) как определено в любом из (i) - (x):

- (i) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 11 (обозначаемой в настоящем документе как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающей активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 17 (обозначаемой в настоящем документе как wzx); и
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
 - (c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной

последовательностью SEQ ID NO: 9 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 13 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 15 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

(ii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 26029-27444 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*); и

(с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7276-8508 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT4); и
- (с5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18528-19508 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT5);
- (iii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 39 (обозначаемой в настоящем документе как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающей активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 45 (обозначаемой в настоящем документе как wzx);
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 37 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 41 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 43 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);
- (iv) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности

аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 163 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающей активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 169 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*); и

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 161 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 165 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 167 (обозначаемой в настоящем документе как GT3); и

(c4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 181 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

(v) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*); и

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

- (c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);
- (c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);
- (c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT3); и
- (c4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18527-19507 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);
- (vi) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 67 (обозначаемой в настоящем документе как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающей активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 73 (обозначаемой в настоящем документе как wzx);
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 65 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);
- (c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 69 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и

- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 71 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 85 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);
- (с5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 87 (обозначаемой в настоящем документе как GT5); и
- (с6): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 89 (обозначаемой в настоящем документе как GT6);
- (vii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5833-6927 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*); и
- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4617-5123 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как GT1); и
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5120-5827 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);
- (viii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной

последовательностью SEQ ID NO: 123 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающей активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 129 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*); и

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 121 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 125 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 127 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

(c4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 143 (обозначаемой в настоящем документе как GT4); и

(c5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 145 (обозначаемой в настоящем документе как GT5); и

(c6): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной

последовательностью SEQ ID NO: 147 (обозначаемой в настоящем документе как GT6);

- (ix) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11201-12349 SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 15538-16953 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*); и
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
 - (c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9726-10673 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);
 - (c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12336-13421 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и
 - (c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13418-14260 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);
- (x) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10707-11846 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95%

идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 15037-16476 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*); и

(с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9232-10179 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11833-12918 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и

(с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12915-13757 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

В настоящем изобретении также предложен штамм *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192.

Во втором аспекте настоящее изобретение относится к композиции, содержащей по меньшей мере один штамм текстурирующих молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по настоящему изобретению, описанный выше, предпочтительно в комбинации с одним или более дополнительными штаммами молочнокислых бактерий, где один или более дополнительных штаммов молочнокислых бактерий способен(ны):

i) генерировать ферментированное молоко с целевым pH приблизительно 4,55 за приблизительно 15 ч или менее, предпочтительно за приблизительно 12 ч или менее, при измерении в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции (30°C), и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения целевого значения pH приблизительно 4,55. Таким образом,

«время достижения рН 4,55» можно рассчитать для определенного штамма молочнокислых бактерий; и

ii) генерировать ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 40 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренным при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до рН 4,55, времени достижения рН 4,55) с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , при измерении как описано в настоящей заявке, где температура инокуляции составляет 30°C .

В одном воплощении целевым значением рН может быть, например, рН от 4 до 5, предпочтительно от рН 4,3 до 4,7, более предпочтительно от рН 4,4 до 4,6 и еще более предпочтительно рН 4,45, рН 4,50 или рН 4,55.

Предпочтительно композиция по второму аспекту настоящего изобретения содержит штамм текстурирующих молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по настоящему изобретению в комбинации с

- (i) штаммом молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485, или его мутантом или вариантом и/или
- (ii) штаммом молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192, или его мутантом или вариантом и/или
- (iii) штаммом молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* DSM 33133, или его мутантом или вариантом.

Композиция по настоящему изобретению может содержать дополнительные компоненты, такие как криопротекторы, лиопротекторы, антиоксиданты, нутриенты, наполнители, корригенты или их смеси, как подробно описано ниже.

В третьем аспекте настоящее изобретение относится к применению штаммов молочнокислых бактерий (i) - (x) и/или композиции по настоящему изобретению для повышения вязкости ферментированного молочного продукта. Третий аспект дополнительно относится к применению штамма DSM 25485 *Lactococcus lactis* subsp.

cremoris и/или штамма DSM 33192 *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* для повышения вязкости (измеряемой как напряжение сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, как описано в настоящем изобретении) ферментированного молочного продукта. Ферментированный молочный продукт может представлять собой ферментированный молочный продукт на основе молока (т.е. на основе ферментируемого молока, происходящего от млекопитающих) или ферментированный молочный продукт на основе растительного молока (т.е. на основе ферментируемого молока, происходящего из растений, такого как соевое молоко).

В четвертом аспекте изобретение относится к способу получения пищевого продукта, содержащего по меньшей мере одну стадию на которой применяют по меньшей мере один бактериальный штамм, описанный в первом аспекте настоящего изобретения, и/или композицию, описанную во втором аспекте настоящего изобретения. Наконец, настоящее изобретение относится к пищевому продукту, содержащему по меньшей мере один бактериальный штамм, описанный в первом аспекте настоящего изобретения, и/или композицию, описанную во втором аспекте настоящего изобретения и/или DSM 33192. Пищевой продукт может содержать дополнительные компоненты, такие как загустители или стабилизаторы или их смеси, как подробно описано ниже.

КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ГРАФИЧЕСКИХ МАТЕРИАЛОВ

Фиг. 1. Сравнительный анализ кластера генов *eps*. Проводили генетическое сравнение ряда генов кластера *eps L. lactis*, доступных на веб-сайте NCBI а также являющихся предметами настоящей заявки на патент, для оценки степени сходства между различными кластерами генов *eps*. Анализ был основан на файлах fasta, содержащих белковые последовательности, кодируемые кластерами генов *eps* 43 штаммов *L. lactis*. Подгруппу белков (например, транспозаз) исключали для того, чтобы сравнение было основано только на функционально значимых белках. Белки кластеризовали с применением *cd-hit* (<http://weizhongli-lab.org/cd-hit/>) с порогом отсека по идентичности 0,9 с получением 270 групп *cd-hit* из 712 последовательностей белков. Для каждого штамма создавали вектор признаков (длиной 270) на основании присутствия или отсутствия белков в каждой из групп *cd-hit*. Указанные векторы признаков использовали для попарных расчетов сходства Жаккара для всех штаммов. Попарное сходство использовали для выполнения агломеративной иерархической кластеризации. Кластеризацию выполняли с применением метода

ближнего соседа, и это обеспечивало консервативную кластеризацию для оценки новизны/уникальности кластеров генов *eps*, которые являются предметом настоящей заявки на патент. При применении метода ближнего соседа высота, на которой кластер соединен с другими кластерами, можно интерпретировать как наименьшее расстояние (т.е. наибольшее сходство) между любой парой штаммов в двух кластерах штаммов.

Фиг. 2. На Фиг. 2 в обобщенном виде представлены кластеры *eps L. lactis* по изобретению. Открытые рамки считывания аннотированы согласно их доказанной или предсказанной функциям, на основе анализа BLAST на сайте NCBI с использованием базы данных белковых последовательностей refseq с параметрами по умолчанию. GT, гликозилтрансфераз; IS, транспозаза; hupot, гипотетический белок.

КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

DSM 33134

В SEQ ID NO:91 представлен кластер генов *eps* штамма DSM 33134 *Lactococcus lactis*, полная последовательность;

В SEQ ID NO:1 приведена открытая рамка считывания (ORF) гена *epsR* DSM 33134;

В SEQ ID NO:2 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:1;

В SEQ ID NO:3 приведена ORF гена *epsX* DSM 33134;

В SEQ ID NO:4 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:3;

В SEQ ID NO:5 приведена ORF гена *epsB* DSM 33134;

В SEQ ID NO:6 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:5;

В SEQ ID NO:7 приведена ORF гена *epsD* DSM 33134;

В SEQ ID NO:8 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:7;

В SEQ ID NO:9 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT1 DSM 33134;

В SEQ ID NO:10 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:9;

В SEQ ID NO:11 приведена ORF предполагаемого гена *wzu* DSM 33134;

В SEQ ID NO:12 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:11;

В SEQ ID NO:13 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT2 DSM 33134;

В SEQ ID NO:14 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:13;

В SEQ ID NO:15 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT3 DSM 33134;

В SEQ ID NO:16 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:15;

В SEQ ID NO:17 приведена ORF предполагаемого гена *wzx* DSM 33134;

В SEQ ID NO:18 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:17;

В SEQ ID NO: 19 приведена ORF гена *epsL* DSM 33134;

В SEQ ID NO:20 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:19;

В SEQ ID NO:21 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства *LytR* DSM 33134;

В SEQ ID NO:20 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:21;

В SEQ ID NO:23 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов DSM 33134;

В SEQ ID NO:24 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:23;

В SEQ ID NO:25 приведена ORF гена *epsC* DSM 33134;

В SEQ ID NO:26 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:25;

В SEQ ID NO:27 приведена ORF гена *epsE* DSM 33134;

В SEQ ID NO:28 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:27;

DSM 33136

В SEQ ID NO:92 представлен кластер генов *eps* штамма DSM 33136 *Lactococcus lactis*, полная последовательность;

В SEQ ID NO:29 приведена открытая рамка считывания (ORF) гена *epsR* DSM 33136;

В SEQ ID NO:30 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:29;

В SEQ ID NO:31 приведена ORF гена *epsX* DSM 33136;

В SEQ ID NO:32 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:31;

В SEQ ID NO:33 приведена ORF гена *epsB* DSM 33136;

В SEQ ID NO:34 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:33;

В SEQ ID NO:35 приведена ORF гена *epsD* DSM 33136;

В SEQ ID NO:36 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:35;

В SEQ ID NO:37 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT1 DSM 33136;

В SEQ ID NO:38 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:37;

В SEQ ID NO:39 приведена ORF предполагаемого гена *wzy* DSM 33136;

В SEQ ID NO:40 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:39;

В SEQ ID NO:41 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT2 DSM 33136;

В SEQ ID NO:42 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:41;

В SEQ ID NO:43 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT3 DSM 33136;

В SEQ ID NO:44 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:43;

В SEQ ID NO:45 приведена ORF предполагаемого гена *wzx* DSM 33136;

В SEQ ID NO:46 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:45;

В SEQ ID NO:47 приведена ORF гена *epsL* DSM 33136;

В SEQ ID NO:48 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:47;

В SEQ ID NO:49 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства LytR DSM 33136;

В SEQ ID NO:50 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:49;

В SEQ ID NO:51 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок семейства полисахаридпирувилтрансферазы DSM 33136;

В SEQ ID NO:52 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:51;

В SEQ ID NO:53 приведена ORF гена *epsC* DSM 33136;

В SEQ ID NO:54 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:53;

В SEQ ID NO:55 приведена ORF гена *epsE* DSM 33136;

В SEQ ID NO:56 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:55;

DSM 33139

В SEQ ID NO:221 представлен кластер генов *eps* штамма DSM 33139 *Lactococcus lactis*, полная последовательность;

В SEQ ID NO:57 приведена открытая рамка считывания (ORF) гена *epsR* DSM 33139;

В SEQ ID NO:58 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:57;

В SEQ ID NO:59 приведена ORF гена *epsX* DSM 33139;

В SEQ ID NO:60 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:59;

В SEQ ID NO:61 приведена ORF гена *epsB* DSM 33139;

В SEQ ID NO:62 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:61;

В SEQ ID NO:63 приведена ORF гена *epsD* DSM 33139;

В SEQ ID NO:64 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:63;

В SEQ ID NO:65 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT1 DSM 33139;

В SEQ ID NO:66 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:65;

В SEQ ID NO:67 приведена ORF предполагаемого гена *wzu* DSM 33139;

В SEQ ID NO:68 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:67;

В SEQ ID NO:69 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT2 DSM 33139;

В SEQ ID NO:70 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:69;

В SEQ ID NO:71 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT3 DSM 33139;

В SEQ ID NO:72 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:71;

В SEQ ID NO:73 приведена ORF предполагаемого гена *wzx* DSM 33139;

В SEQ ID NO:74 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:73;

В SEQ ID NO:75 приведена ORF гена *epsL* DSM 33139;

В SEQ ID NO:76 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:75;

В SEQ ID NO:77 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства *LytR* DSM 33139;

В SEQ ID NO:78 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:77;

В SEQ ID NO:79 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов DSM 33139;

В SEQ ID NO:80 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:79;

В SEQ ID NO:81 приведена ORF гена *epsC* DSM 33139;

В SEQ ID NO:82 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:81;

В SEQ ID NO:83 приведена ORF гена *epsE* DSM 33139;

В SEQ ID NO:84 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:83;

В SEQ ID NO:85 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT4 DSM 33139;

В SEQ ID NO:86 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:85;

В SEQ ID NO:87 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT5 DSM 33139;

В SEQ ID NO:88 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:87;

В SEQ ID NO:89 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT6 DSM 33139;

В SEQ ID NO:90 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:89;

В SEQ ID NO:93 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок 1 семейства NAD(никотинамидадениндинуклеотид)-зависимой эпимеразы/дегидратазы DSM 33139;

В SEQ ID NO:94 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:93;

В SEQ ID NO:95 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок глюкозо-1-фосфат тимидилилтрансферазы RfbA DSM 33139;

В SEQ ID NO:96 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:95;

В SEQ ID NO:97 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок dTDP(дезокситимидиндифосфат)-глюкозо 4,6-дегидратазы DSM 33139;

В SEQ ID NO:98 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:97;

В SEQ ID NO:99 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок dTDP-4-дегидрорамноза-3,5-эпимеразы DSM 33139;

В SEQ ID NO:100 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:99;

В SEQ ID NO:101 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок 2 семейства NAD-зависимой эпимеразы/дегидратазы DSM 33139;

В SEQ ID NO:102 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:101;

В SEQ ID NO:103 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок dTDP-4-дегидрорамноза-редуктазы DSM 33139;

В SEQ ID NO:104 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:103;

В SEQ ID NO:105 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок нуклеотидил-трансферазу DSM 33139;

В SEQ ID NO:106 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:105;

В SEQ ID NO:107 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок ацилтрансферазу 2 DSM 33139;

В SEQ ID NO:108 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:107;

В SEQ ID NO:109 приведена ORF, кодирующая предполагаемый содержащий домен DUF1972 белок DSM 33139;

В SEQ ID NO:110 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:109;

В SEQ ID NO:111 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок ацилтрансферазу 1 DSM 33139;

В SEQ ID NO:112 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:111;

DSM 33141

В SEQ ID NO:222 представлен кластер генов *eps* штамма DSM 33141 *Lactococcus lactis*, полная последовательность;

В SEQ ID NO:113 приведена открытая рамка считывания (ORF) гена *epsR* DSM 33141;

В SEQ ID NO:114 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:113;

В SEQ ID NO:115 приведена ORF гена *epsX* DSM 33141;

В SEQ ID NO:116 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:115;

В SEQ ID NO:117 приведена ORF гена *epsB* DSM 33141;

В SEQ ID NO:118 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:117;

В SEQ ID NO:119 приведена ORF гена *epsD* DSM 33141;

В SEQ ID NO:120 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:119;

В SEQ ID NO:121 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT1 DSM 33141;

В SEQ ID NO:122 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:121;

В SEQ ID NO:123 приведена ORF предполагаемого гена *wzu* DSM 33141;

В SEQ ID NO:124 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:123;

В SEQ ID NO:125 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT2 DSM 33141;

В SEQ ID NO:126 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:125;

В SEQ ID NO:127 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT3 DSM 33141;

В SEQ ID NO:128 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:127;

В SEQ ID NO:129 приведена ORF предполагаемого гена *wzx* DSM 33141;

В SEQ ID NO:130 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:129;

В SEQ ID NO: 131 приведена ORF гена *epsL* DSM 33141;

В SEQ ID NO:132 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:131;

В SEQ ID NO:133 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства LytR DSM 33141;

В SEQ ID NO:134 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:133;

В SEQ ID NO:135 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов DSM 33141;

В SEQ ID NO:136 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:135;

В SEQ ID NO:137 приведена ORF гена *epsC* DSM 33141;

В SEQ ID NO:138 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:137;

В SEQ ID NO:139 приведена ORF гена *epsE1* DSM 33141;

В SEQ ID NO:140 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:139;

В SEQ ID NO:141 приведена ORF гена *epsE2* DSM 33141;

В SEQ ID NO:142 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:141;

В SEQ ID NO:143 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT4 DSM 33141;

В SEQ ID NO:144 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:143;

В SEQ ID NO:145 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT5 DSM 33141;

В SEQ ID NO:146 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:145;

В SEQ ID NO:147 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT6 DSM 33141;

В SEQ ID NO:148 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:147;

В SEQ ID NO:149 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок ацетилтрансферазу DSM 33141;

В SEQ ID NO:150 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:149;

В SEQ ID NO:151 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок ацилтрансферазу DSM 33141;

В SEQ ID NO:152 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:151;

DSM 33137

В SEQ ID NO:223 представлен кластер генов *eps* штамма DSM 33137 *Lactococcus lactis*, полная последовательность;

В SEQ ID NO:153 приведена открытая рамка считывания (ORF) гена *epsR* DSM 33137;

В SEQ ID NO:154 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:153;

В SEQ ID NO:155 приведена ORF гена *epsX* DSM 33137;

В SEQ ID NO:156 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:155;

В SEQ ID NO:157 приведена ORF гена *epsB* DSM 33137;

В SEQ ID NO:158 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:157;

В SEQ ID NO:159 приведена ORF гена *epsD* DSM 33137;

В SEQ ID NO:160 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:159;

В SEQ ID NO:161 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT1 DSM 33137;

В SEQ ID NO:162 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:161;

В SEQ ID NO:163 приведена ORF предполагаемого гена *wzy* DSM 33137;

В SEQ ID NO:164 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:163;

В SEQ ID NO:165 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT2 DSM 33137;

В SEQ ID NO:166 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:165;

В SEQ ID NO:167 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT3 DSM 33137;

В SEQ ID NO:168 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:167;

В SEQ ID NO:169 приведена ORF предполагаемого гена *wzx* DSM 33137;

В SEQ ID NO:170 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:169;

В SEQ ID NO:171 приведена ORF гена *epsL* DSM 33137;

В SEQ ID NO:172 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:171;

В SEQ ID NO:173 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства *LytR* DSM 33137;

В SEQ ID NO:174 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:173;

В SEQ ID NO:175 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок ветвления Core-2/I (Core-2/I-branching protein) DSM 33137;

В SEQ ID NO:176 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:175;

В SEQ ID NO:177 приведена ORF гена *epsC* DSM 33137;

В SEQ ID NO:178 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:177;

В SEQ ID NO:179 приведена ORF гена *epsE* DSM 33137;

В SEQ ID NO:180 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:179;

В SEQ ID NO:181 приведена ORF, кодирующая предполагаемый белок GT4 DSM 33137;

В SEQ ID NO:182 приведена аминокислотная последовательность, кодируемая SEQ ID NO:181;

DSM 33192

SEQ ID NO:183 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33192 *Lactococcus lactis*, полную последовательность;

SEQ ID NO:184 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsR* DSM 33192 (нуклеотиды 1-318 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:185 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsX* DSM 33192 (нуклеотиды 407-826 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:186 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsC* DSM 33192 (нуклеотиды 993-1772 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:187 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsD* DSM 33192 (нуклеотиды 1782-2477 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:187 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsB* DSM 33192 (нуклеотиды 2532-3296 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:189 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE* DSM 33192 (нуклеотиды 3318-3998 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:190 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT1) DSM 33192, кодируемую нуклеотидами 4008-4478 SEQ ID NO:183;

SEQ ID NO:191 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT2) DSM 33192, кодируемую нуклеотидами 4478-4960 SEQ ID NO:183;

SEQ ID NO:192 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT3) DSM 33192, кодируемую нуклеотидами 5015-5965 SEQ ID NO:183;

SEQ ID NO:193 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT4) DSM 33192, кодируемую нуклеотидами 6026-6955 SEQ ID NO:183;

SEQ ID NO:194 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzy* DSM 33192 (нуклеотиды 6955-8145 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:195 представляет аминокислотную последовательность белка глицерофосфотрансферазы DSM 33192, кодируемую нуклеотидами 8132-9322 SEQ ID NO:183;

SEQ ID NO:196 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzx* DSM 33192 (нуклеотиды 9309-10727 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:197 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsL* DSM 33192 (нуклеотиды 10825-11724 SEQ ID NO:183);

SEQ ID NO:198 представляет аминокислотную последовательность белка LytR DSM 33192, кодируемую нуклеотидами 11749-12651 SEQ ID NO:183;

DSM 33135

SEQ ID NO:199 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33135 *Lactococcus lactis*, полную последовательность;

SEQ ID NO:200 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsR* DSM 33135 (нуклеотиды 1-318 SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:201 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsX* DSM 33135 (нуклеотиды 352-1119 SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:202 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsC* DSM 33135 (нуклеотиды 1159-1938 SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:203 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsD* DSM 33135 (нуклеотиды 1948-2640 SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:204 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsB* DSM 33135 (нуклеотиды 2698-3462 SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:205 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE* DSM 33135 (нуклеотиды 3484-4170 SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:206 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT1) DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:207 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазы DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 4784-5695 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:208 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой dTDP-4-дегидрорамнозо-редуктазы DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 5717-6631 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:209 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразы DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 6586-7257 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:210 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT2) DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 7276-8508 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:211 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка DUF1919 DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 8515-9144 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:212 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка UDP(уридиндифосфат)-галактопиранозомутазы DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 9159-10274 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:213 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка DUF4422 DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 10271-11029 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:214 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT3) DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:215 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT4) DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:216 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzy* DSM 33135 (нуклеотиды 13939-15042 SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:217 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT5) DSM 33135, кодируемой нуклеотидами 18528-19508 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:218 представляет аминокислотную последовательность белка *lytR* DSM 33135, кодируемую нуклеотидами 20389-21291 SEQ ID NO:199;

SEQ ID NO:219 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsL* DSM 33135 (нуклеотиды 24053-24751 цепи, комплементарной SEQ ID NO:199);

SEQ ID NO:220 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzx* DSM 33135 (нуклеотиды 26029-27444 цепи, комплементарной SEQ ID NO:199);

DSM 33138

SEQ ID NO:224 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33138 *Lactococcus lactis*, полную последовательность;

SEQ ID NO:225 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsR* DSM 33138 (нуклеотиды 1-318 SEQ ID NO:224);

SEQ ID NO:226 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsX* DSM 33138 (нуклеотиды 352-1119 SEQ ID NO:224);

SEQ ID NO:227 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsC* DSM 33138 (нуклеотиды 1159-1938 SEQ ID NO:224);

SEQ ID NO:228 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsD* DSM 33138 (нуклеотиды 1948-2640 SEQ ID NO:224);

SEQ ID NO:229 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsB* DSM 33138 (нуклеотиды 2698-3462 SEQ ID NO:224);

SEQ ID NO:230 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE* DSM 33138 (нуклеотиды 3484-4170 SEQ ID NO:224);

SEQ ID NO:231 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT1) DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:232 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазы DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 4784-5695 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:233 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой dTDP-4-дегидрорамнозо-редуктазы DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 5717-6631 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:234 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразы DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 6586-7257 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:235 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка DUF1972 DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 7276-8508 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:236 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка DUF1919 DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 8515-9144 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:237 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка UDP-галактопиранозомутазы DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 9159-10274 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:238 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка DUF4422 DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 10271-11029 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:239 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT2) DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:240 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT3) DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:241 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzy* DSM 33138 (нуклеотиды 13939-15042 SEQ ID NO:224);

SEQ ID NO:242 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT4) DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 18527-19507 SEQ ID NO: 224;

SEQ ID NO:243 представляет аминокислотную последовательность белка *lytR* DSM 33138, кодируемую нуклеотидами 20388-21290 SEQ ID NO: 224;

DSM 33140

SEQ ID NO:244 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33140 *Lactococcus lactis*, полную последовательность;

SEQ ID NO:245 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsR* DSM 33140 (нуклеотиды 1-318 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:246 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsX* DSM 33140 (нуклеотиды 352-1119 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:247 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsC* DSM 33140 (нуклеотиды 1159-1938 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:248 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsD* DSM 33140 (нуклеотиды 1948-2643 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:249 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsB* DSM 33140 (нуклеотиды 2698-3462 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:250 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE* DSM 33140 (нуклеотиды 3484-4164 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:251 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка UDP-N-ацетилглюкозамин-LPS *N*-ацетилглюкозамин DSM 33140, кодируемую нуклеотидами 4168-4617 SEQ ID NO: 244;

SEQ ID NO:252 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT1) DSM 33140, кодируемую нуклеотидами 4617-5123 SEQ ID NO: 244;

SEQ ID NO:253 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT2) DSM 33140, кодируемую нуклеотидами 5120-5827 SEQ ID NO: 244;

SEQ ID NO:254 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzy* DSM 33140 (нуклеотиды 5833-6927 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:255 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsL* DSM 33140 (нуклеотиды 8438-9340 SEQ ID NO:244);

SEQ ID NO:256 представляет аминокислотную последовательность белка *lytR* DSM 33140, кодируемую нуклеотидами 9365-10267 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 244;

DSM 33142

SEQ ID NO:257 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33142 *Lactococcus lactis*, полную последовательность;

SEQ ID NO:258 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsR* DSM 33142 (нуклеотиды 1-318 SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:259 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsX* DSM 33142 (нуклеотиды 407-1120 SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:260 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsC* DSM 33142 (нуклеотиды 1160-1939 SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:261 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsD* DSM 33142 (нуклеотиды 1949-2644 SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:262 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsB* DSM 33142 (нуклеотиды 2699-3463 SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:263 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE1* DSM 33142 (нуклеотиды 3485-4084 SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:264 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE2* DSM 33142 (нуклеотиды 4085-4840 SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:265 представляет аминокислотную последовательность белка *lytR* DSM 33142, кодируемую нуклеотидами 5876-6778 SEQ ID NO: 257;

SEQ ID NO:266 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsL* DSM 33142 (нуклеотиды 6803-7717 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257;

SEQ ID NO:267 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой дегидрогеназы сахаров нуклеотидов DSM 33142, кодируемую нуклеотидами 7727-8173 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257;

SEQ ID NO:268 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT1) DSM 33142, кодируемую нуклеотидами 9726-10673 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257;

SEQ ID NO:269 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой ацетилтрансферазы DSM 33142, кодируемую нуклеотидами 10657-11211 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257;

SEQ ID NO:270 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzu* DSM 33142 (нуклеотиды 11201-12349 цепи, комплементарной SEQ ID NO:257);

SEQ ID NO:271 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT2) DSM 33142, кодируемую нуклеотидами 12336-13421 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257;

SEQ ID NO:272 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT3) DSM 33142, кодируемую нуклеотидами 13418-14260 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257;

SEQ ID NO:273 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzx* цепи, комплементарной DSM 33142 (нуклеотиды 15538-16953 цепи, комплементарной SEQ ID NO:257);

DSM 33183

SEQ ID NO:274 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33183 *Lactococcus lactis*, полную последовательность;

SEQ ID NO:275 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsR* DSM 33183 (нуклеотиды 1-318 SEQ ID NO:274);

SEQ ID NO:276 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsC* DSM 33183 (нуклеотиды 681-1460 SEQ ID NO:274);

SEQ ID NO:277 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsD* DSM 33183 (нуклеотиды 1470-2165 SEQ ID NO:274);

SEQ ID NO:278 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsB* DSM 33183 (нуклеотиды 2220-3005 SEQ ID NO:274);

SEQ ID NO:279 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE1* DSM 33183 (нуклеотиды 2992-3591 SEQ ID NO:274);

SEQ ID NO:280 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsE2* DSM 33183 (нуклеотиды 3592-4347 SEQ ID NO:274);

SEQ ID NO:281 представляет аминокислотную последовательность белка *lytR* DSM 33183, кодируемую нуклеотидами 5383-6285 SEQ ID NO: 274);

SEQ ID NO:282 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *epsL* DSM 33183, кодируемую нуклеотидами 6310-7224 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274);

SEQ ID NO:283 представляет аминокислотную последовательность предполагаемого белка дегидрогеназы сахаров нуклеотидов DSM 33183, кодируемую нуклеотидами 7234-7680 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274;

SEQ ID NO:284 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT1) DSM 33183, кодируемую нуклеотидами 9232-10179 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274;

SEQ ID NO:285 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой ацетилтрансферазы DSM 33183, кодируемую нуклеотидами 10163-10717 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274;

SEQ ID NO:286 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzy* DSM 33183 (нуклеотиды 10707-11846 цепи, комплементарной SEQ ID NO:274);

SEQ ID NO:287 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT2) DSM 33183, кодируемую нуклеотидами 11833-12918 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274;

SEQ ID NO:288 представляет аминокислотную последовательность предполагаемой гликозилтрансферазы (GT3) DSM 33183, кодируемую нуклеотидами 12915-13757 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274;

SEQ ID NO:289 представляет аминокислотную последовательность, кодируемую геном *wzx* DSM 33183 (нуклеотиды 15037-16476 цепи, комплементарной SEQ ID NO:274).

SEQ ID NO:290 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33133 *Lactococcus lactis*, полную последовательность.

SEQ ID NO:291 представляет кластеры генов *eps* штаммов DSM 33204, 33205, 33220, 33221, 33218, 33219, 33224, 33197, 33196, 33195, 33194, 33226, 33223, 33193 и 33192 *Lactococcus lactis*, полную последовательность.

SEQ ID NO:292 представляет кластеры генов *eps* штаммов DSM 33200, 33201, 33202 и 33203 *Lactococcus lactis*, полную последовательность.

SEQ ID NO:293 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33222 *Lactococcus lactis*, полную последовательность.

SEQ ID NO:294 представляет кластер генов *eps* штамма DSM 33225 *Lactococcus lactis*, полную последовательность.

СВЕДЕНИЯ, ПОДТВЕРЖДАЮЩИЕ ВОЗМОЖНОСТЬ ОСУЩЕСТВЛЕНИЯ

ИЗОБРЕТЕНИЯ

Определения

Все определения терминов, используемых в настоящем документе, имеют общепринятое значение, известное специалистам в области техники, к которой относится настоящее изобретение.

В контексте настоящего изобретения в любом его воплощении выражение «молочнокислые бактерии» («LAB») обозначает бактерии, пригодные для применения в пищевой промышленности, продуцирующие молочную кислоту как основной конечный

метаболический продукт ферментации углеводов. Эти бактерии объединяют их общие метаболические и физиологические характеристики и обычно они являются грам-положительными, с низким содержанием GC, кислотоустойчивыми, неспорообразующими, анаэробными палочковидными бациллами или кокками. На стадии ферментации потребление углеводов данными бактериями вызывает образование молочной кислоты, снижение pH и приводит к образованию белкового коагулята. Таким образом, эти бактерии, отвечают за закисление молока и текстуру молочного продукта. Наиболее широко используемые в промышленности молочнокислые бактерии относятся к порядку Lactobacillales, включающему *Lactococcus* spp., *Streptococcus* spp., *Lactobacillus* spp., *Leuconostoc* spp., *Pediococcus* spp. и *Propionibacterium* spp. Их часто применяют в качестве пищевых культур по отдельности или в комбинации с другими молочнокислыми бактериями.

Под «текстурирующим штаммом» в настоящей заявке и формуле изобретения понимают штамм, который предпочтительно приводит к образованию ферментированного молока млекопитающих, имеющего в описанных ниже условиях и в Примере 1 напряжение сдвига предпочтительно выше 40 Па при измерении при скорости сдвига 300 c^{-1} . Штамм *Lactococcus lactis* можно охарактеризовать как обладающий выраженными текстурирующими свойствами, поскольку он образует ферментированное молоко, имеющее в таких же условиях напряжение сдвига выше 50 Па при скорости сдвига 300 c^{-1} . 200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин, после чего охлаждают до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55 после чего хранят при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, после чего осторожно перемешивают и измеряют напряжение сдвига при скорости сдвига 300 c^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C .

Также под «текстурирующим штаммом» в настоящей заявке и формуле изобретения понимают штамм, который предпочтительно приводит к образованию ферментированного молока млекопитающих, имеющего в описанных ниже условиях и в Примере 2 напряжение сдвига 24 Па или выше, предпочтительно 30 Па или выше, или более предпочтительно 42 Па или выше, при измерении при скорости сдвига 300 c^{-1} . Штамм *Lactococcus lactis* можно охарактеризовать как штамм с выраженными

текстурирующими свойствами, поскольку он производит ферментированное молоко, имеющее в таких же условиях напряжение сдвига 30 Па или более при измерении при скорости сдвига 300 с^{-1} . 1% по объему ночной культуры микроорганизмов (полученной путем инокуляции культурой микроорганизмов среды M17 с добавлением 2% глюкозы при 30°C) инокулируют соевое молоко с глюкозой, например с 0,5-5% глюкозы, предпочтительно с 0,5-2% глюкозы, более предпочтительно приблизительно с 2% глюкозы, как описано в Примере 2. Инокуляцию осуществляют при 30°C в 200 мл масштабе до достижения целевого pH, например, pH от 4 до 5, предпочтительно pH от 4,3 до 4,7, более предпочтительно pH от 4,4 до 4,6, и еще более предпочтительно pH 4,45, pH 4,50 или pH 4,55 после чего охлаждают до 4°C и хранят при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, после чего осторожно перемешивают и измеряют напряжение сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C .

Текстурирующий штамм молочнокислых бактерий по изобретению может представлять собой выделенный штамм, например, выделенный из природного источника, или может быть штаммом искусственного происхождения, например, рекомбинантным. Рекомбинантные штаммы будут отличаться от штаммов естественного происхождения по меньшей мере наличием нуклеиновокислотной(ых) конструкции(й), применяющей(ихся) для трансформации или трансфекции материнского штамма.

Термин «идентичность последовательностей» относится к степени родства между двумя нуклеотидными последовательностями или между двумя аминокислотными последовательностями. Для целей настоящего изобретения степень идентичности последовательностей между двумя нуклеотидными последовательностями или двумя аминокислотными последовательностями определяется с применением инструмента для множественного выравнивания Clustal Omega (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>; Sievers, F. *et al.*, 2011, “Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega”, *Mol. Syst. Biol.*, 7:539) со стандартными параметрами.

В данном контексте термины «штамм, происходящий от», «производный штамм» или «мутант» следует понимать как штамм, происходящий от штамма по изобретению вследствие, например, генной инженерии, радиационного и/или химического воздействия и/или отбора, адаптации, скрининга и т.д. Предпочтительно чтобы

производный штамм был функционально эквивалентным мутантом, например, мутантом, который обладает по существу такими же или улучшенными свойствами, применительно к текстурирующей способности, как и материнский штамм. Такой производный штамм является частью настоящего изобретения. В частности, термин «производный штамм» или «мутант» относится к штамму, полученному в результате воздействия на штамм по изобретению любого стандартно применяемого мутагенного воздействия, включая воздействие химического мутагена, такого как этанметансульфонат (EMS) или N-метил-N-нитро-N-нитрогуанидин (NTG), УФ излучения, или к спонтанно возникшему мутанту. Мутант может быть подвергнут нескольким мутагенным воздействиям (одно воздействие следует понимать как одна стадия мутагенеза с последующей стадией скрининга/отбора), но в данном случае предпочтительно осуществление не более 20, не более 10 или не более 5 воздействий. В предпочтительном мутанте изменено менее 1% или менее 0,1%, менее 0,01%, менее 0,001% или даже менее 0,0001% нуклеотидов бактериального генома (посредством замены, вставки, делеции или их комбинаций) по сравнению с материнским штаммом.

Термин «термофильный» в настоящем документе относится к микроорганизмам, которые лучше всего растут при температурах выше 35°C. Наиболее полезные с промышленной точки зрения термофильные бактерии включают *Streptococcus* spp. и *Lactobacillus* spp. Термин «термофильная ферментация» в настоящем документе относится к ферментации при температуре выше приблизительно 35°C, такой как от приблизительно 35°C до приблизительно 45°C. Термин «термофильный ферментированный молочный продукт» относится к ферментированным молочным продуктам, полученным посредством термофильной ферментации термофильных заквасочных культур и включает такие ферментированные молочные продукты как йогурт термостатного способа производства, йогурт с нарушенным сгустком и питьевой йогурт, например, якульт. Кроме того, термин «термофильный ферментированный молочный продукт» относится к ферментированным молочным продуктам, полученным посредством термофильной ферментации термофильной стартерной культуры молока на растительной основе, такого как соевое молоко или соевое молоко с добавлением сахара, например, такого как фруктоза, сахароза, кукурузный сироп с высоким содержанием фруктозы (HFCS), мед, глюкоза, инвертированный сахар, мальтоза, галактоза, лактоза или любая их комбинация. Концентрация сахара может составлять от 0,5% до 5%, от 0,5

до 2%, 0,5%, 1%, 1,5% или 2%, например, 0,5-5% глюкозы, предпочтительно 0,5-2% глюкозы, более предпочтительно приблизительно 2% глюкозы.

Термин «мезофильный» в настоящем документе относится к микроорганизмам, которые лучше размножаются при умеренных температурах (15°C-35°C). Наиболее широко применяющиеся в промышленности мезофильные бактерии включают *Lactococcus* spp. и *Leuconostoc* spp. Термин «мезофильная ферментация» в настоящем документе относится к ферментации при температуре от приблизительно 22°C до приблизительно 35°C. Термин «мезофильные пищевые продукты» относится к пищевым продуктам, полученным посредством мезофильной ферментации мезофильными стартерными культурами. Термин «мезофильный ферментированный молочный продукт» относится к ферментированным молочным продуктам, полученным путем мезофильной ферментации мезофильными стартерными культурами и включает такие ферментированные молочные продукты, как пахта, простоквашу, сквашенное молоко, сметана, сквашенные сливки, кефир и молодой сыр, такой как кварк, творог и сливочный сыр. Кроме того, термин «мезофильный ферментированный молочный продукт» относится к ферментированным молочным продуктам, полученным посредством мезофильной ферментации мезофильной стартерной культуры молока на растительной основе, такого как соевое молоко или соевое молоко с добавлением сахара, например, такого как фруктоза, сахароза, кукурузный сироп с высоким содержанием фруктозы (HFCS), мед, глюкоза, инвертированный сахар, мальтоза, галактоза, лактоза или любая их комбинация. Концентрация сахара может составлять от 0,5% до 5%, от 0,5 до 2%, 0,5%, 1%, 1,5% или 2%, например, 0,5-5% глюкозы, предпочтительно 0,5-2%, более предпочтительно приблизительно 2% глюкозы.

Термин «мезофильная стартерная культура» в настоящем документе относится к любым заквасочным культурам, содержащим по меньшей мере один штамм мезофильных бактерий. Мезофильные заквасочные культуры, такие как комбинации штамма *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* и *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* применяются для получения ферментированных молочных продуктов, таких как молодой сыр, пахта, простокваша и сквашенные сливки.

Термины «ферментированное молоко» и «молочный продукт» в настоящем документе используются взаимозаменяемо. В контексте настоящего изобретения в любом из его воплощений выражение «ферментированный молочный продукт» означает

пищевой или кормовой продукт, где получение пищевого или кормового продукта включает ферментацию молочной основы молочнокислыми бактериями. «Ферментированный молочный продукт» в настоящем документе включает такие продукты, как термофильные ферментированные молочные продукты или мезофильные ферментированные молочные продукты, как описано выше. Кроме того, как описано выше, «ферментированный молочный продукт» в настоящем документе включает продукты, полученные посредством ферментации молока на растительной основе, такого как соевое молоко или соевое молоко с добавлением сахара, например, такого как фруктоза, сахароза, кукурузный сироп с высоким содержанием фруктозы (HFCS), мед, глюкоза, инвертированный сахар, мальтоза, галактоза, лактоза или любая их комбинация. Концентрация сахара может составлять от 0,5% до 5%, от 0,5 до 2%, 0,5%, 1%, 1,5% или 2%, например, 0,5-5% глюкозы, предпочтительно 0,5-2% глюкозы, более предпочтительно приблизительно 2% глюкозы. Так, «ферментированный молочный продукт» согласно настоящему изобретению охватывает ферментированные молочные продукты из молока млекопитающих (т.е. молочная основа происходит от млекопитающих) и ферментированные продукты из растительного молока (т.е. молочная основа представляет собой молочную основу растительного происхождения, такую как на основе соевого молока).

В контексте настоящей заявки термин «молоко» широко применяется в его общепринятом значении и относится к жидкостям, произведенным молочными железами млекопитающих (например, коров, овец, коз, буйволов, верблюдов и т.д.) или происходящим из растений. Термин «молочная основа» или «молочный субстрат» может представлять собой любой молочный материал, который может подвергаться ферментации согласно настоящему изобретению. Так, полезные молочные основы включают растворы/суспензии любого молока или молокоподобного продукта, содержащего белок, такие как цельное молоко или молоко с низким содержанием жира, обезжиренное молоко, пахта, восстановленное порошковое молоко, концентрированное молоко, сухое молоко, сыворотка, сывороточный пермеат, лактоза, маточная жидкость после кристаллизации лактозы, концентрат сывороточного белка, сливки или растительное молоко, без ограничения. Очевидно, молочная основа может происходить от любых млекопитающих, например, быть по существу чистым молоком млекопитающих или восстановленным порошковым молоком. Источники растительного

молока включают молоко, экстрагированное из соевых бобов, но не ограничиваются им. Предпочтительно молоко на растительной основе представляет собой соевое молоко, в которое предпочтительно добавляют сахар, например, такой как фруктоза, сахароза, кукурузный сироп с высоким содержанием фруктозы (HFCS), мед, глюкоза, инвертированный сахар, мальтоза, галактоза, лактоза или любая их комбинация. Концентрация сахара может составлять от 0,5% до 5%, от 0,5 до 2%, 0,5%, 1%, 1,5% или 2%, например, 0,5-5% глюкозы, предпочтительно 0,5-2% глюкозы, более предпочтительно приблизительно 2% глюкозы.

Перед ферментацией молочная основа может быть гомогенизирована и пастеризована согласно способам, известным в области техники. «Гомогенизирование» в контексте настоящего изобретения в любом из его воплощений означает интенсивное перемешивание с получением растворимой суспензии или эмульсии. Если гомогенизацию осуществляют до ферментации, ее можно осуществлять таким образом, чтобы разбить молочный жир на более мелкие капли, чтобы он больше не отделялся от молока. Это может достигаться путем пропускания молока под высоким давлением через мелкие отверстия.

«Пастеризация» в контексте настоящего изобретения в любом из его воплощений означает обработку молочной основы для сокращения или устранения наличия живых организмов, таких как микроорганизмы. Предпочтительно пастеризация достигается путем поддержания определенной температуры в течение определенного периода времени. Указанная температура обычно достигается путем нагревания. Температуру и длительность можно выбирать для уничтожения или инактивации определенных бактерий, таких как вредные бактерии. После этого может следовать стадия быстрого охлаждения. Например, молочную основу можно нагревать при 92°C в течение 3 мин, охлаждать до 38°C и затем инокулировать, как описано на стадии i. способа по настоящему изобретению.

В настоящем описании термин «приблизительно» (или «примерно») означает указанное значение $\pm 1\%$ от этого значения, или термин «приблизительно» означает указанное значение $\pm 2\%$ от этого значения, или термин «приблизительно» означает указанное значение $\pm 5\%$ от этого значения, или термин «приблизительно» означает указанное значение $\pm 10\%$ от этого значения, или термин «приблизительно» означает указанное значение $\pm 20\%$ от этого значения, или термин «приблизительно» означает

указанное значение $\pm 30\%$ от этого значения; предпочтительно термин «приблизительно» означает точно указанное значение ($\pm 0\%$).

В описании и формуле изобретения слово «содержит» и его варианты (например, «содержащий», «имеющий», «включающий», «имеющий в своем составе») обычно не является ограничивающим и поэтому не исключает другие признаки, которые, например, могут быть техническими признаками, добавками, компонентами или стадиями. Однако, когда в настоящем документе используется слово «содержит», оно *также* включает определенное воплощение, в котором данное слово понимают как ограничивающее; в данном конкретном воплощении слово «содержит» имеет значение термина «состоит из».

Использование терминов в единственном числе и аналогичных объектов в контексте описания изобретения (в частности, в контексте приведенной ниже формулы изобретения) следует трактовать как охватывающие единственное и множественное число, если не указано противоположное или явным образом не противоречит контексту. Указание диапазонов значений в настоящем документе представляет лишь краткий способ независимого упоминания каждого отдельного значения, входящего в диапазон, если не указано иное, и каждое отдельное значение включено в описание, как если бы оно было независимо упомянуто в настоящем документе. Все описанные способы можно осуществлять в любом подходящем порядке, если не указано иное или если это явным образом не противоречит контексту. Использование любых примеров или вводных слов перед примером (например, «такой как») в настоящем документе предназначено лишь для лучшего освещения изобретения и не ограничивает объем изобретения, если в формуле изобретения не заявлено иное. Ни один термин в описании не следует рассматривать как указание на то, что какой-либо отсутствующий в формуле изобретения элемент является существенным для осуществления изобретения.

Текстура является важным показателем качества для ферментированных молочных продуктов, таких как йогурт, и принятие потребителями зачастую тесно связано с характеристиками текстуры. Текстура ферментированного молока зависит как от бактерий, применяемых для ферментации, так и от параметров процесса. Бактерии, продуцирующие полисахариды, могут положительно влиять на характеристики продукта, такие как текстура и органолептические свойства. Органолептические свойства текстуры зачастую коррелируют с результатами инструментальных измерений,

например, напряжение сдвига коррелирует с вязкостью и ощущением густоты во рту (Poulsen *et al.*, 2019). В контексте настоящего изобретения реологические свойства (текстура) ферментированного молочного продукта, такие как вязкость, могут определяться как функция напряжения сдвига ферментированного молочного продукта как описано ниже.

В свете настоящего изобретения напряжение сдвига можно измерять следующим способом: Когда pH ферментированного молока (например, млекопитающих или молока на растительной основе) достигал pH приблизительно 4,55, ферментированный молочный продукт доводили до 4°C и вручную осторожно перемешивали при помощи палочки, снабженной перфорированным диском, до гомогенности образца. Реологические свойства образца оценивали при помощи реометра (Anton Paar Physica Rheometer with ASC, Automatic Sample Changer, Anton Paar® GmbH, Austria) с использованием боба-цилиндра. Реометр устанавливали на постоянную температуру 13°C во время измерения. Настройки были следующими:

- Время задержки (для восстановления в некоторой степени исходной структуры)
- 5 минут без какого-либо физического воздействия (колебания или вращения) на образец.
- Стадия колебаний (для измерения показателя упругости и вязкости, G' и G'' , соответственно, для расчета комплексного показателя G^*)
 - Постоянная деформация = 0,3%, частота (f) = [0,5...8] Гц
 - 6 точек измерения в течение 60 с (по одной каждые 10 с)
- Стадия вращений (для измерения напряжения сдвига при 300 1/с)
- Были запланированы две стадии:
 - Скорость сдвига = [0,3-300] 1/с и 2) Скорость сдвига = [275-0,3] 1/с.

Каждая стадия включала 21 точку измерения в течение 210 с (каждые 10 с). Для дальнейшего анализа было выбрано напряжение сдвига 300 1/с (300 с⁻¹), поскольку оно коррелирует с ощущением густоты во рту при проглатывании ферментированного молочного продукта.

Предпочтительно напряжение сдвига можно измерять следующим способом: данные по напряжению сдвига получали путем инокуляции тех же микробных культур в молоко средней жирности (1,5% жира); молоко нагревали при 90°C в течение 20 мин и охлаждали до температуры инокуляции (30°C) перед инокуляцией 1% ночной

микробной культурой. Инокуляцию осуществляли в течение 8-22 ч при 30°C в 200 мл масштабе до достижения pH приблизительно 4,55 с последующим охлаждением до 4°C и хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток. После хранения ферментированное молоко осторожно перемешивали при помощи палочки, снабженной перфорированным диском, до гомогенности образца. Напряжение сдвига образцов оценивали при помощи реометра (Anton Paar Physica Rheometer with ASC, Automatic Sample Changer, Anton Paar® GmbH, Austria) со следующими настройками:

- Время ожидания (для восстановления в некоторой степени исходной структуры)
- 5 минут без колебания или вращения
- Вращение (для измерения напряжения сдвига при 300 с⁻¹ и так далее)
- $\dot{\gamma} = [0,2707-300] \text{ с}^{-1}$ и $\dot{\gamma} = [275-0,2707] \text{ с}^{-1}$

21 точка измерения в течение 210 с (каждые 10 с) с повышением 300 с⁻¹ и 21 точка измерения за 210 с (по одной каждые 10 с) со снижением до 0,2707 с⁻¹. Для анализа данных выбирали напряжение сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹.

В альтернативном варианте напряжение сдвига измеряют следующим способом: 1% по объему ночной культуры микроорганизмов (полученной путем инокуляции культурой микроорганизмов среды M17 с добавлением 2% глюкозы при 30°C) инокулируют соевое молоко с глюкозой, например, с 0,5-5% глюкозы, предпочтительно с 0,5-2% глюкозы, более предпочтительно с приблизительно 2% глюкозы. Инокуляцию осуществляют при 30°C в 200 мл масштабе до достижения целевого pH с последующим охлаждением до 4°C и хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток. Целевым значением pH может быть, например, pH от 4 до 5, предпочтительно от pH 4,3 до 4,7, более предпочтительно от pH 4,4 до 4,6 и еще более предпочтительно pH 4,45, pH 4,50 или pH 4,55. После хранения ферментированное молоко осторожно перемешивают при помощи палочки, снабженной перфорированным диском, до гомогенности образца. Напряжение сдвига оценивают при помощи реометра (Anton Paar Physica Rheometer with ASC, Automatic Sample Changer, Anton Paar® GmbH, Austria) со следующими настройками:

- Время ожидания (для восстановления в некоторой степени исходной структуры)
- 5 минут без колебания или вращения
- Вращение (для измерения напряжения сдвига при 300 с⁻¹ и так далее)

- $Y' = [0,2707-300] \text{ с}^{-1}$ и $y' = [275-0,2707] \text{ с}^{-1}$

21 точка измерения в течение 210 с (каждые 10 с) с повышением до 300 с^{-1} и 21 точка измерения за 210 с (по одной каждые 10 с) со снижением до $0,2707 \text{ с}^{-1}$. Для анализа данных можно выбирать напряжение сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} .

Штаммы молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*

Задачей настоящего изобретения является предоставление текстурирующих штаммов LAB, подходящих для применения в приготовлении пищевых продуктов. В частности, задачей настоящего изобретения является предоставление текстурирующих штаммов *Lactococcus lactis*, подходящих для применения в приготовлении мезофильных пищевых продуктов. Эта задача была решена с помощью описанных здесь штаммов *Lactococcus lactis*, содержащие новые кластеры генов *eps*. Как обсуждается в Примерах (см., например, Таблицы 1 и 2 и Примеры 1 и 2) раскрытые штаммы *Lactococcus lactis* DSM 33134, DSM 33135, DSM 33136, DSM 33137, DSM 33138, DSM 33139, DSM 33140, DSM 33141, DSM 33142, DSM 33183, DSM 25485 и DSM 33192 обладают превосходными текстурирующими свойствами.

Авторы настоящего изобретения проанализировали кластер генов *eps* вышеупомянутых штаммов и идентифицировали последовательности новых генов, которые предположительно задействованы в продуцировании экзополисахарида (EPS), и поэтому задействованы в создании превосходных текстурирующих свойств вышеупомянутых штаммов *Lactococcus lactis* для ферментирования молока.

Не желая ограничиваться какой-либо теорией, полагают, что нет веских причин считать, что другой штамм *Lactococcus lactis* (т.е. отличный от конкретных штаммов по изобретению), который содержит гены/последовательности кластера генов *eps*, схожие с новыми генами/последовательностями кластера генов *eps*, обсуждаемыми здесь, характеризующими штаммы по изобретению, не будет также обладать улучшенными текстурирующими свойствами. У LAB Wzy-зависимый путь является предпочтительным путем для синтеза гетерополимерного EPS.

Генетические локусы биосинтеза полисахаридов по Wzy-зависимому механизму сходны у всех бактерий и хорошо изучены у *Streptococcus pneumoniae*. Следует отметить, что *S. pneumoniae* продуцирует только капсулярные внеклеточные полисахариды (часто используется аббревиатура CPS), тогда как LAB способны производить как CPS, так и EPS (EPS обозначает «внеклеточный полисахарид», который секретируется в

среду/молоко). Один и тот же кластер генов отвечает за производство CPS и EPS. Генетический анализ локуса CPS у 90 серотипов пневмококка продемонстрировал поразительную особенность полисахаридного оперона: наличие множества сильно отличающихся форм каждого из ключевых классов ферментов. Так, для полисахаридполимераз было обнаружено 40 групп гомологии, для липаз - 13 групп и большое разнообразие гликозилтрансфераз. Наличие множественных негомологичных или высоко дивергентных форм этих ферментов вместе с часто различным содержанием G+C в области, в которой они кодируются, подтверждает точку зрения, что эти гены неоднократно импортировались из разных и неизвестных источников. Многие кластеры генов *eps* прошли перестройку, опосредованную элементами инсерционной последовательности (IS) и получили гены других организмов в результате горизонтального переноса генов. Типичным для организации оперона *eps* является наличие IS-элементов, фланкирующих оперон, или находящихся внутри него. Множество гликозилтрансфераз, обнаруженных в локусах продукции полисахаридов, обеспечивает возможность постоянно генерировать новые штаммы, продуцирующие уникальные EPS, путем перетасовки генов. Поскольку EPS демонстрирует огромное разнообразие моносахаридных строительных блоков, аномальной конфигурации, конформации и стереохимии, результирующее разнообразие структур EPS является поразительным: например, два остатка глюкозы могут быть соединены друг с другом 30 различными способами. Согласно базе данных Carbohydrate-Active enZymes (CAZy) database (cazy.org), в настоящее время гликозилтрансферазы подразделяются на 107 семейств (июнь 2019 г., <http://www.cazy.org/GlycosylTransferases.html>), что может помочь в прогнозировании их механизма действия. Тем не менее, это не означает, что все ферменты семейства распознают одного и того же донора и акцептора, поскольку полиспецифичность распространена среди семейств гликозилтрансфераз, и, таким образом, следует быть осторожным с чрезмерной интерпретацией предсказаний, основанных исключительно на этой классификации.

Гены, кодирующие Wzy-зависимые белки биосинтеза внеклеточных полисахаридов у LAB обычно организованы в виде кластера со структурой оперона и обычно являются хромосомными у *Streptococcus thermophilus*, но могут располагаться на плазмиде или хромосоме у *L. lactis* и *Lactobacillus* sp. Как правило, кластеры генов *eps* очень разнообразны, а их нуклеотидные последовательности являются одними из самых

вариабельных последовательностей в геномах LAB. Однако модульная организация генов в кластерах генов *eps* сохраняется (Zeidan *et al.*, 2017). Консервативные гены, находящиеся в начале кластера генов *eps*, которые участвуют в механизме модуляции и сборки биосинтеза полисахаридов, были названы *epsRXCDB* в соответствии с номенклатурой Zeidan *et al.* (2017) и Poulsen *et al.* (2019), а находящиеся в конце — *epsL* и *lytR*, при этом полимераза получила название *wzy*, а флиппаза — *wzx*. Гены вариабельной части включают полимеразу *wzy*, переносчик полисахарида, также называемый флиппазой *wzx*, и глюкозилтрансферазы (GT) или другие ферменты, модифицирующие полимеры. Общей чертой для текстурирующих штаммов является то, что все они содержат гены, необходимые для производства полисахаридов, например, *epsCDBE-wzy-wzx* и GT (Zeidan *et al.*, 2017).

Никакие предполагаемые функции пока не могут быть приписаны *epsX* и *epsL*. NIZO B40 *epsL* может быть разрушен путем однократного кроссовера с использованием фрагмента внутреннего гена или сверхпродуцироваться без какого-либо влияния на продукцию EPS (van Kranenburg, 1999). Однако может случиться так, что если одна копия из кластера *eps* будет нефункциональна, ее заменит вторая копия *epsL*.

Считается, что *EpsR* отвечает за регуляцию биосинтеза EPS, и поэтому определенные мутации могут влиять на продукцию EPS. Считается, что *EpsCDB* и АТФ образуют стабильный комплекс, действующий как тирозинкиназно-фосфатазная система, которая контролирует синтез EPS, вероятно, посредством фосфорилирования *epsE*, гликозилфосфотрансферазы, которая катализирует первую стадию сборки повторяющегося звена EPS и определяет тип сахара, добавляемого к липидному носителю для образования EPS. Все три гена, ответственные за фосфорилирование тирозина, необходимы для полной инкапсуляции пневмококка, при этом *epsC* (соответствующий EpsC у *L. lactis*) является основным фактором вирулентности, решающим благодаря его роли в регуляции биосинтеза CPS (Whittall *et al.*, 2015). Было обнаружено, что у *L. lactis* *epsC* и *epsD* необходимы для продуцирования EPS, в то время как *epsB* не является строго обязательным, поскольку эффект его делеции заключался в снижении количества продуцируемого EPS (Nierop Groot and Kleerebezem, 2007). Было показано, что ген *epsE*, кодирующий начальную глюкозофосфаттрансферазу, которая не катализирует гликозидную связь, но участвует в присоединении первого сахара повторяющегося звена к липидному носителю, необходим для биосинтеза

полисахаридов у *L. lactis*, а его разрушение прекращает продукцию EPS (Dabour and LaPointe 2005, van Kranenburg *et al.*, 1997).

Соответственно, следующие гены кластера *eps*, обычно кодирующие гликозилтрансферазы, полимеразы и транспортеры, располагаются в вариабельной части кластера и часто имеют низкую степень сходства с уже охарактеризованными генами, что затрудняет предсказание их предполагаемых функций. При сравнении оперонов синтеза полисахаридов у 90 серотипов пневмококков, у которых биосинтез полисахаридов хорошо изучен, выявлено, что центральные гены, ответственные за синтез и полимеризацию повторяющихся звеньев, очень вариабельны и часто негомологичны между серотипами (Bentley *et al.*, 2006). Wzy-зависимый биосинтез CPS у *S. pneumoniae* напоминает синтез пептидогликана, при котором повторяющиеся звенья строятся на внутренней поверхности цитоплазматической мембраны, транспортируются к внешней поверхности мембраны переносчиком Wzx, также называемым флиппазой, и полимеризуются полимеразой Wzy. Полимераза полисахаридов Wzy связывает отдельные повторяющиеся звенья с образованием CPS, связанных с липидами. У *S. pneumoniae* обнаружено 40 групп гомологии полимераз полисахаридов. Начальный сахар повторяющегося олигосахаридного звена также является донорным сахаром при полимеризации повторяющихся звеньев, а специфичность полимеразы Wzy определяет тип связи. Предсказания для начальных сахаров и последующей полимеризационной связи повторяющихся звеньев хорошо коррелируют с группами гомологии полимераз. У *S. pneumoniae* имеется 32 группы гомологии полимеразы, связанные с WchA, пять с WciI, четыре с WcjG и одна с WcjH. Эти ассоциации в основном уникальны, только пять групп гомологии полимераз связаны с двумя начальными трансферазами, что указывает на высокую специфичность начальных трансфераз (Bentley *et al.*, 2006).

Соответственно, как правило, кластеры генов *eps* у штаммов *Lactococcus* sp. имеют высокое сходство в пределах консервативных областей (например, *epsRXCDBE*, *epsL* и *lytR*), но остальная часть генов *eps*, включая *wzy*, *wzx*, гены GT и другие гены, модифицирующие повторяющиеся олигосахаридные звенья, если они присутствуют, как правило, более вариабельны, как с точки зрения последовательности, так и с точки зрения присутствующих генов. В дополнение, не ограничиваясь теорией, в настоящее время полагают, что различия в генах вариабельной области, связанных с биосинтезом EPS (в частности, генах *wzy*, *wzx* и GT, если они присутствуют), вероятно, ответственны

за различные структуры EPS, продуцируемые клетками различных штаммов LAB, которые могут влиять на различия в текстурирующей способности различных штаммов LAB.

Как обсуждено выше, первый аспект настоящего изобретения относится к штамму молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащему активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахарид (EPS), при этом кластер генов *eps* содержит по меньшей мере один, предпочтительно два, более предпочтительно три, еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(m), в зависимости от конкретного случая, см. ниже, как определено в любом из (i)-(x).

В предпочтительном воплощении кластер генов *eps* содержит все нуклеотидные последовательности (a) - (c) (т.е. (a) - (c3) / (c4) / (c6), в зависимости от конкретного случая, см. ниже), как определено в любом из (i) - (x), см. ниже.

В наиболее предпочтительном воплощении кластер генов *eps* содержит все нуклеотидные последовательности (a)-(m), в зависимости от конкретного случая, (например, (a), (b), (c1), (c2), (c3) и (d) для LAB, которые охарактеризованы в (i), (a), (b), (c1), (c2), (c3), (c3), (c4), (c5), (d), (e), (f), (g), (h) и (i) для LAB, которые охарактеризованы в (ii), (a), (b), (c1), (c2), (c3) и (d) для LAB, которые охарактеризованы в (iii), (a), (b), (c1), (c2), (c3), (c4) и (d) для LAB, которые охарактеризованы в (iv), (a), (c1), (c2), (c3), (c4), (d), (e), (f), (g), (h), (i), и (j) для LAB, которые охарактеризованы в (v), (a), (b), (c1), (c2), (c3), (c4), (c5), (c6), (d), (e), (f), (g), (h), (i), (j), (k), (l) и (m) для LAB, которые охарактеризованы в (vi), (a), (c1) (c2) и (d) для LAB, которые охарактеризованы в (vii), (a), (b), (c1), (c2), (c3), (c4), (c5), (c6), (d), (e) и (f) для LAB, которые охарактеризованы в (viii), (a), (b), (c1), (c2), (c3), (d) и (e) для LAB, которые охарактеризованы в (ix) и (a), (b), (c1), (c2), (c3), (d) и (e) для LAB, которые охарактеризованы в (x)), как определено в любом из (i) - (x):

- (i) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной

последовательностью SEQ ID NO: 11 (обозначаемой в настоящем документе как wzy);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 17 (обозначаемой в настоящем документе как wzx);

(c) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три нуклеотидные последовательности, кодирующие полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:

(c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 9 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 13 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и

(c3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 15 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

(d): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере

95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 23 (обозначаемой в настоящем документе как предполагаемый белок дегидрогеназа сахаров нуклеотидов);

- (ii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *wzu*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 26029-27444 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*);
- (c) по меньшей мере одна, предпочтительно две, и более предпочтительно три, еще более предпочтительно четыре и наиболее предпочтительно пять нуклеотидных последовательностей, кодирующих полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:
 - (c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);
 - (c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидами 7276-8508 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(с3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

(с4): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

(с5): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18528-19508 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как GT5);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазы и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4784-5695 SEQ ID NO:199 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-глюкозо-4,6-дегидратаза);

(e): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазы, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидами 5717-6631 SEQ ID NO:199 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-4-дегидрорамнозоредуктаза);

(f): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразы, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6586-7257 SEQ ID NO:199 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимераза);

(g): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF1919, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 8515-9144 в SEQ ID NO:199 (обозначаемой в настоящем документе как DUF1919);

(h): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF4422, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10271-11029 в SEQ ID NO:199 (обозначаемой в настоящем документе как DUF4422); и

(i): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью UDP-галактопиринозомутаза, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9159-10274 SEQ ID NO:199 (обозначаемой в настоящем документе как UDP-галактопиринозомутаза);

(iii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100%

идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 39 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 45 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*);

(c) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три нуклеотидные последовательности, кодирующие полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:

(c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 37 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 41 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и

(c3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 43 (обозначаемой в настоящем документе как GT3); и

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью полисахаридпирувилтрансферазы и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 51 (обозначаемой в настоящем документе как белок семейства полисахаридпирувилтрансферазы);

(iv) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 163 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 169 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*);

(c) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три нуклеотидные последовательности, кодирующие полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:

(c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 161 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере

95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 165 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(с3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 167 (обозначаемой в настоящем документе как GT3); и

(с4): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 181 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, имеющий по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 175 (обозначаемой в настоящем документе как белок ветвления Core-2/I белок);

- (v) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как wzy);
- (с) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три нуклеотидные последовательности, кодирующие полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:

(с1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(с2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(с3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT3); и

(с4): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18527-19507 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF1972 и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7276-8508 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как DUF1972);

(e): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF4422 и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более

предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10271-11029 в SEQ ID NO:224 (обозначаемой в настоящем документе как DUF4422);

(f): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF1919 и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 8515-9144 в SEQ ID NO:224 (обозначаемой в настоящем документе DUF1919);

(g): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью UDP-галактопиринозомутаза и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9159-10274 SEQ ID NO:224 (обозначаемой в настоящем документе как UDP-галактопиринозомутаза);

(h): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразы, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6586-7257 в SEQ ID NO:224 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимераза);

(i): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазы и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4784-5695 в SEQ ID NO:224 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-глюкозо-4,6-дегидратаза); и

(j): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазы, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5717-6631 в SEQ ID NO:224 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-4-дегидрорамнозоредуктаза);

(vi) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 67 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 73 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*);

(c) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три нуклеотидные последовательности, кодирующие полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:

(c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 65 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 69 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(с3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 71 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

(с4): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 85 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

(с5): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 87 (обозначаемой в настоящем документе как GT5); и

(с6): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 89 (обозначаемой в настоящем документе как GT6);

(d): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью эпимеразы/дегидратазы и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной

последовательностью SEQ ID NO: 93 (обозначаемой в настоящем документе как НАД-зависимая эпимераза/дегидратаза 1);

(e): нуклеотидная последовательность, обладающая дегидрогеназной активностью и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 79 (обозначаемой в настоящем документе как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов);

(f): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью тимидилтрансферазы и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 95 (обозначаемой в настоящем документе как gfbA, глюкозо-1-фосфат тимидилилтрансфераза);

(g): нуклеотидная последовательность, обладающая дегидратазной активностью и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 97 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-глюкозо-4,6-дегидратаза);

(h): нуклеотидная последовательность, обладающая эпимеразной активностью и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 99 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимераза);

(i): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью эпимеразы/дегидратазы и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по

меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 101 (обозначаемой в настоящем документе как белок 2 семейства НАД-зависимой эпимеразы/дегидратазы);

(j): нуклеотидная последовательность, обладающая ацилтрансферазной активностью и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 111 (обозначаемой в настоящем документе как ацилтрансфераза 1);

(k): нуклеотидная последовательность, обладающая ацилтрансферазной активностью и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 107 (обозначаемой в настоящем документе как ацилтрансфераза 2);

(l): нуклеотидная последовательность, обладающая редуктазной активностью и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 103 (обозначаемой в настоящем документе как dTDP-4-дегидрорамнозо-редуктаза); и

(m): нуклеотидная последовательность, обладающая нуклеотидилтрансферазной активностью и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной

последовательностью SEQ ID NO: 105 (обозначаемой в настоящем документе как нуклеотидилтрансфераза);

- (vii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5833-6927 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);
- (c) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три нуклеотидные последовательности, кодирующие полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:
 - (c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4617-5123 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как GT1); и
 - (c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5120-5827 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и
- (d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью UDP-*N*-ацетилглюкозамин-LPS *N*-ацетилглюкозаминтрансферазы, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4168-4617 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемый в настоящем документе UDP-*N*-ацетилглюкозамин-LPS *N*-ацетилглюкозаминтрансфераза);

- (viii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 123 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 129 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*);
- (c) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три нуклеотидные последовательности, кодирующие полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранные из:
- (c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 121 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);
- (c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 125 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);
- (c3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее

предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 127 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

(с4): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 143 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

(с5): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 145 (обозначаемой в настоящем документе как GT5); и

(с6): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 147 (обозначаемой в настоящем документе как GT6);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий ацетилтрансферазной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 149 (обозначаемой в настоящем документе как ацетилтрансфераза);

(e): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий дегидрогеназной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее

предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 135 (обозначаемой в настоящем документе как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов);

(f): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий ацилтрансферазной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 151 (обозначаемой в настоящем документе как ацилтрансфераза);

(ix) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11201-12349 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 15538-16953 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*);

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9726-10673 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12336-13421 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13418-14260 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);
- (d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью дегидрогеназы сахаров нуклеотидов и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7727-8173 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов);
- и
- (е): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий ацетилтрансферазной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10657-11211 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как ацетилтрансфераза);
- (x) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами

10707-11846 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 15037-16476 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*);

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9232-10179 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11833-12918 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как GT2); и

(c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12915-13757 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как GT3);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью дегидрогеназы сахаров нуклеотидов и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей

мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7234-7680 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов); и

(е): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий ацетилтрансферазной активностью, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10163-10717 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как ацетилтрансфераза).

Все вышеприведенные последовательности присутствуют в вариабельной части кластера генов *eps* штаммов по настоящему изобретению.

Соответственно, в предпочтительном воплощении штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis* по настоящему изобретению содержит активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахариды (EPS), где кластер генов *eps* содержит все нуклеотидные последовательности (а)-(с), если они присутствуют, см. выше, как определено в любом из (i) - (х) выше.

В наиболее предпочтительном воплощении штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis* по настоящему изобретению содержит активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахариды (EPS), где кластер генов *eps* содержит все нуклеотидные последовательности (а) - (m), в зависимости от конкретного случая, см. выше, как определено в любом из (i) - (х) выше.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis* по настоящему изобретению содержит активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахариды (EPS), предпочтительно при этом кластер генов *eps* содержит все нуклеотидные последовательности (а) - (с), в зависимости от конкретного случая, как определено в любом из (i) - (х) выше, еще более предпочтительно при этом кластер генов *eps* содержит все нуклеотидные последовательности (а) - (m), в зависимости от конкретного случая, как определено в любом из (i) - (х) выше и по

меньшей мере одну, предпочтительно все из следующих нуклеотидных последовательностей:

- (i) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 1 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);
- (2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 3 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);
- (3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 5 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);
- (4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 7 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);
- (5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 19 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

- (6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 21 (обозначаемой в настоящем документе как белок-регулятор транскрипции семейства *LytR*);
- (7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 25 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);
- (8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 27 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE*);
- (ii) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1-318 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);
- (2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 352-1119 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);
- (3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере

95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 2698-3462 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);

(4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1948-2640 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);

(5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 24053-24751 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 20389-21291 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как белок-регулятор транскрипции семейства LytR);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1159-1938 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

(8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидами 3484-4170 в SEQ ID NO: 199 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE*);

- (iii) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 29 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);
- (2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 31 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);
- (3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 33 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);
- (4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 35 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);
- (5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 47 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 49 (обозначаемой в настоящем документе как предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства *LytR*);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 53 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

(8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 55 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE*);

(iv) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 153 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);

(2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 155 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);

(3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 157 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);

(4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 159 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);

(5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 171 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 173 (обозначаемой в настоящем документе как предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства LytR);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 177 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*); и

- (8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 179 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE*);
- (v) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1-318 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);
- (2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 352-1119 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);
- (3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 2698-3462 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);
- (4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1948-2640 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);
- (5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере

95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 20388-21290 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как белок-регулятор транскрипции семейства LytR);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1159-1938 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 3484-4170 в SEQ ID NO: 224 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE*);

(vi) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 57 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);

(2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 59 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);

(3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 61 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);

(4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 63 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);

(5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 75 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 77 (обозначаемой в настоящем документе как предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства *LytR*);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 81 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

(8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 83 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE*);

- (vii) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1-318 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);
- (2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 352-1119 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);
- (3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 2698-3462 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);
- (4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1948-2643 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);
- (5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9365-10267 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 244

(обозначаемой в настоящем документе как белок-регулятор транскрипции семейства *LytR*);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1159-1938 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 3484-4164 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE*);

(8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 8438-9340 в SEQ ID NO: 244 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

(viii) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 113 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);

(2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 115 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);

(3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 117 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);

(4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 119 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);

(5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 131 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 133 (обозначаемой в настоящем документе как предполагаемый белок-регулятор транскрипции семейства LytR);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 137 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

- (8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 139 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE1*);
- (9): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 141 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE2*);
- (ix) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1-318 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);
- (2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 407-1120 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsX*);
- (3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 2699-3463 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);
- (4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере

95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1949-2644 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);

(5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5876-6778 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как белок-регулятор транскрипции семейства LytR);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1160-1939 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 3485-4084 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE1*);

(8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4085-4840 в SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE2*);

(9): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидами 6803-7717 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

- (x) (1): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1-318 в SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *epsR*);
- (2): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 2220-3005 в SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *epsB*);
- (3): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 1470-2165 в SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *epsD*);
- (4): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5383-6285 в SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как белок-регулятор транскрипции семейства LytR);
- (5): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 681-1460 в SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *epsC*);

(6): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 2992-3591 в SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE1*);

(7): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 3592-4347 в SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *epsE2*);

(8): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6310-7224 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой в настоящем документе как *epsL*);

Все вышеприведенные последовательности присутствуют в консервативной части кластера генов *eps* штаммов по настоящему изобретению.

Еще более предпочтительно молочнокислые бактерии *Lactococcus lactis* по настоящему изобретению содержат активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахариды (EPS), где кластер генов *eps* содержит следующую последовательность:

- (i) SEQ ID NO:91;
- (ii) SEQ ID NO:199;
- (iii) SEQ ID NO:92;
- (iv) SEQ ID NO:223;
- (v) SEQ ID NO:224;
- (vi) SEQ ID NO:221;
- (vii) SEQ ID NO:244;
- (viii) SEQ ID NO:222;

(ix) SEQ ID NO:257;

(x) SEQ ID NO:274.

Более предпочтительно молочнокислые бактерии *Lactococcus lactis* по настоящему изобретению представляют собой следующие текстурирующие штаммы:

(i): DSM 33134

(ii): DSM 33135

(iii): DSM 33136

(iv): DSM 33137

(v): DSM 33138

(vi): DSM 33139

(vii): DSM 33140

(viii): DSM 33141

(ix): DSM 33142

(x): DSM 33183.

Кластер генов *eps* DSM 33134 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: *wzy* (SEQ ID NO.: 11), *wzx* (SEQ ID NO.: 17), ген, кодирующий GT1 (SEQ ID NO.:9), ген, кодирующий GT2 (SEQ ID NO.:13) ген, кодирующий GT3 (SEQ ID NO.:15) и ген, кодирующий белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов (SEQ ID NO.: 23).

Консервативная часть: *epsR* (SEQ ID NO.: 1), *epsX* (SEQ ID NO.: 3), *epsB* (SEQ ID NO.: 5), *epsD* (SEQ ID NO.: 7), *epsL* (SEQ ID NO.: 19), ген, кодирующий белок LytR (SEQ ID NO.: 21), *epsC* (SEQ ID NO.: 25) и *epsE* (SEQ ID NO.: 27).

Кластер генов *eps* DSM 33136 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: *wzy* (SEQ ID NO.: 39), *wzx* (SEQ ID NO.: 45), ген, кодирующий GT1 (SEQ ID NO.:37), ген, кодирующий GT2 (SEQ ID NO.:41) ген, кодирующий GT3 (SEQ ID NO.:43) и ген, кодирующий белок полисахаридпирувилтрансферазу (SEQ ID NO.: 51).

Консервативная часть: *epsR* (SEQ ID NO.: 29), *epsX* (SEQ ID NO.: 31), *epsB* (SEQ ID NO.: 33), *epsD* (SEQ ID NO.: 35), *epsL* (SEQ ID NO.: 47), ген, кодирующий белок LytR (SEQ ID NO.: 49), *epsC* (SEQ ID NO.: 25) и *epsE* (SEQ ID NO.: 27).

Кластер генов *eps* DSM 33139 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: ген, кодирующий GT1 (SEQ ID NO.:65), ген, кодирующий белок NAD-зависимую эпимеразу/дегидратазу 1 (SEQ ID NO.:93), ген, кодирующий белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов (SEQ ID NO.:79), ген, кодирующий белок глюкозо-1-фосфат тимидилилтрансферазу RfbA (SEQ ID NO.:95), ген, кодирующий белок dTDP-глюкозо 4,6-дегидратазу (SEQ ID NO.:97), ген, кодирующий белок dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразу (SEQ ID NO.:99), ген, кодирующий белок NAD-зависимую эпимеразу/дегидратазу 2 (SEQ ID NO.:101), ген, кодирующий GT2 (SEQ ID NO.:69), ген, кодирующий GT3 (SEQ ID NO.:71), ген, кодирующий GT4 (SEQ ID NO.:85), ген, кодирующий GT5 (SEQ ID NO.:87), ген, кодирующий GT6 (SEQ ID NO.:89), *wzy* (SEQ ID NO.:67), ген, кодирующий белок ацилтрансферазу 1 (SEQ ID NO.:111), *wzx* (SEQ ID NO.:73), ген, кодирующий белок ацилтрансферазу 2 (SEQ ID NO.:107), ген, кодирующий dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу (SEQ ID NO.:103), ген, кодирующий нуклеотидилтрансферазу (SEQ ID NO.:105).

Консервативная часть: *epsR* (SEQ ID NO.: 57), *epsX* (SEQ ID NO.: 59), *epsB* (SEQ ID NO.: 61), *epsD* (SEQ ID NO.: 63), *epsL* (SEQ ID NO.: 75), ген, кодирующий белок LytR (SEQ ID NO.: 77), *epsC* (SEQ ID NO.: 81) и *epsE* (SEQ ID NO.: 83).

Кластер генов *eps* DSM 33141 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: ген, кодирующий GT1 (SEQ ID NO.:121), ген, кодирующий белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов (SEQ ID NO.:135), ген, кодирующий GT2 (SEQ ID NO.:125), ген, кодирующий GT3 (SEQ ID NO.:127), ген, кодирующий GT4 (SEQ ID NO.:143), ген, кодирующий GT5 (SEQ ID NO.:145), ген, кодирующий GT6 (SEQ ID NO.:147), *wzy* (SEQ ID NO.:123), ген, кодирующий белок ацетилтрансферазу (SEQ ID NO.:149), *wzx* (SEQ ID NO.:129), ген, кодирующий белок ацилтрансферазу (SEQ ID NO.:151).

Консервативная часть: *epsR* (SEQ ID NO.: 113), *epsX* (SEQ ID NO.: 115), *epsB* (SEQ ID NO.: 117), *epsD* (SEQ ID NO.: 119), *epsL* (SEQ ID NO.: 131), ген, кодирующий белок LytR (SEQ ID NO.: 133), *epsC* (SEQ ID NO.: 137), *epsE1* (SEQ ID NO.: 139) и *epsE2* (SEQ ID NO.: 141).

Кластер генов *eps* DSM 33137 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: ген, кодирующий GT1 (SEQ ID NO.:161), ген, кодирующий GT2 (SEQ ID NO.:165), ген, кодирующий GT3 (SEQ ID NO.:167), ген, кодирующий GT4 (SEQ ID NO.:181), *wzy* (SEQ ID NO.:163), *wzx* (SEQ ID NO.:169), ген, кодирующий белок ветвления Core-2/I белок (SEQ ID NO.:175).

Консервативная часть: *epsR* (SEQ ID NO.: 153), *epsX* (SEQ ID NO.: 155), *epsB* (SEQ ID NO.: 157), *epsD* (SEQ ID NO.: 159), *epsL* (SEQ ID NO.: 171), ген, кодирующий белок LytR (SEQ ID NO.: 173), *epsC* (SEQ ID NO.: 177) и *epsE* (SEQ ID NO.: 179).

Кластер генов *eps* DSM 33135 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: ген, кодирующий GT1 (нуклеотиды 4174-4824 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий GT2 (нуклеотиды 7276-8508 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий GT3 (нуклеотиды 11042-12391 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий GT4 (нуклеотиды 13008-13934 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий GT5 (нуклеотиды 18528-19508 в SEQ ID NO:199), *wzy* (нуклеотиды 13939-15042 в SEQ ID NO:199), *wzx* (нуклеотиды 26029-27444 в цепи, комплементарной SEQ ID NO:199), ген, кодирующий белок dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазу (нуклеотиды 4784-5695 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий белок dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу (нуклеотиды 5717-6631 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий белок dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразу (нуклеотиды 6586-7257 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий белок DUF1919 (нуклеотиды 8515-9144 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий белок UDP-галактопиранозомутазу (нуклеотиды 9159-10274 в SEQ ID NO:199), ген, кодирующий белок DUF4422 (нуклеотиды 10271-11029 в SEQ ID NO:199).

Консервативная часть: *epsR* (нуклеотиды 1-318 в SEQ ID NO:199), *epsX* (нуклеотиды 352-1119 в SEQ ID NO:199), *epsB* (нуклеотиды 2698-3462 в SEQ ID NO:199), *epsD* (нуклеотиды 1948-2640 в SEQ ID NO:199), *epsL* (нуклеотиды 24053-24751 в цепи, комплементарной SEQ ID NO:199), ген, кодирующий белок LytR (нуклеотиды 20389-21291 в SEQ ID NO:199), *epsC* (нуклеотиды 1159 - 1938 в SEQ ID NO:199) и *epsE* (нуклеотиды 3484-4170 в SEQ ID NO:199).

Кластер генов *eps* DSM 33138 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Вариабельная часть: ген, кодирующий GT1 (нуклеотиды 4174-4824 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий GT2 (нуклеотиды 11042-12391 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий GT3 (нуклеотиды 13008-13934 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий GT4 (нуклеотиды 18527-19507 в SEQ ID NO: 224), *wzu* (нуклеотиды 13939-15042 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий белок DUF1972 (нуклеотиды 7276-8508 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий белок dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу (нуклеотиды 5717-6631 в SEQ ID NO: 199), ген, кодирующий белок DUF4422 (нуклеотиды 6586-7257 в SEQ ID NO: 199), ген, кодирующий белок DUF1919 (нуклеотиды 8515-9144 в SEQ ID NO: 199), ген, кодирующий белок UDP-галактопиранозомутазу (нуклеотиды 9159-10274 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий белок DUF4422 (нуклеотиды 10271-11029 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий белок DUF1919 (нуклеотиды 8515-9144 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий белок dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразу (нуклеотиды 6586-7257 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий белок dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазу (нуклеотиды 4784-5695 в SEQ ID NO: 224) и ген, кодирующий белок dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу (нуклеотиды 5717-6631 в SEQ ID NO: 224).

Консервативная часть: *epsR* (нуклеотиды 1-318 в SEQ ID NO: 224), *epsX* (нуклеотиды 352-1119 в SEQ ID NO: 224), *epsB* (нуклеотиды 2698-3462 в SEQ ID NO: 224), *epsD* (нуклеотиды 1948-2640 в SEQ ID NO: 224), ген, кодирующий белок LytR (нуклеотиды 20388-21290 в SEQ ID NO: 224), *epsC* (нуклеотиды 1159-1938 в SEQ ID NO: 224) и *epsE* (нуклеотиды 3484-4170 в SEQ ID NO: 224).

Кластер генов *eps* DSM 33140 содержит следующие гены в вариабельной и консервативной частях:

Вариабельная часть: ген, кодирующий GT1 (нуклеотиды 4617-5123 в SEQ ID NO: 244), ген, кодирующий GT2 (нуклеотиды 5120-5827 в SEQ ID NO: 244), *wzu* (нуклеотиды 5833-6927 в SEQ ID NO: 244), ген, кодирующий белок dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу (нуклеотиды 5717-6631 в SEQ ID NO: 199), ген, кодирующий белок UDP-*N*-ацетилглюкозамин-LPS *N*-ацетилглюкозамин-трансферазу (нуклеотиды 4168-4617 в SEQ ID NO: 244).

Консервативная часть: *epsR* (нуклеотиды 1-318 в SEQ ID NO: 244), *epsX* (нуклеотиды 352-1119 в SEQ ID NO: 244), *epsB* (нуклеотиды 2698-3462 в SEQ ID NO: 244), *epsD* (нуклеотиды 1948-2643 в SEQ ID NO: 244), *epsL* (нуклеотиды 8438-9340 в SEQ ID NO: 244), ген, кодирующий белок LytR (нуклеотиды 9365-10267 в цепи,

комплементарной SEQ ID NO: 244), *epsC* (нуклеотиды 1159-1938 в SEQ ID NO: 244) и *epsE* (нуклеотиды 3484-4164 в SEQ ID NO: 244).

Кластер генов *eps* DSM 33142 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: ген, кодирующий GT1 (нуклеотиды 9726-10673 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257), ген, кодирующий GT2 (нуклеотиды 12336-13421 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257), ген, кодирующий GT3 (нуклеотиды 13418-14260 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257), *wzu* (нуклеотиды 11201-12349 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257), *wzx* (нуклеотиды 15538-16953 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257), ген, кодирующий белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов (нуклеотиды 7727-8173 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257) и ген, кодирующий белок ацетилтрансферазу (нуклеотиды 10657-11211 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257).

Консервативная часть: *epsR* (нуклеотиды 1-318 в SEQ ID NO: 257), *epsX* (нуклеотиды 407-1120 в SEQ ID NO: 257), *epsB* (нуклеотиды 2699-3463 в SEQ ID NO: 257), *epsD* (нуклеотиды 1949-2644 в SEQ ID NO: 257), *epsL* (нуклеотиды 6803-7717 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257), ген, кодирующий белок LytR (нуклеотиды 5876-6778 в SEQ ID NO: 257), *epsC* (нуклеотиды 1160-1939 в SEQ ID NO: 257), *epsE1* (нуклеотиды 3485-4084 в SEQ ID NO: 257) и *epsE2* (нуклеотиды 4085-4840 в SEQ ID NO: 257).

Кластер генов *eps* DSM 33183 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: ген, кодирующий GT1 (нуклеотиды 9232-10179 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274), ген, кодирующий GT2 (нуклеотиды 11833-12918 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274), ген, кодирующий GT3 (нуклеотиды 12915-13757 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274), *wzu* (нуклеотиды 10707-11846 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274), *wzx* (нуклеотиды 15037-16476 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274), ген, кодирующий белок дегидрогеназу сахаров нуклеотидов (нуклеотиды 7234-7680 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274) и ген, кодирующий белок ацетилтрансферазу (нуклеотиды 10163-10717 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274).

Консервативная часть: *epsR* (нуклеотиды 1-318 в SEQ ID NO: 274), *epsB* (нуклеотиды 2220-3005 в SEQ ID NO: 274), *epsD* (нуклеотиды 1470-2165 в SEQ ID NO: 274), *epsL* (нуклеотиды 6310-7224 в цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274), ген, кодирующий белок LytR (нуклеотиды 5383-6285 в SEQ ID NO: 274), *epsC* (нуклеотиды 681-1460 в SEQ ID NO: 274), *epsEI* (нуклеотиды 2992-3591 в SEQ ID NO: 274) и *epsE2* (нуклеотиды 3592-4347 в SEQ ID NO: 274).

Термин «экзополисахарид (EPS)» хорошо известен и специалист в области техники может рутинным способом определить, продуцирует ли молочнокислая бактерия EPS. Как известно и понятно специалисту в области техники, представляющие интерес молочнокислые бактерии, продуцирующие EPS, будут содержать активный кластер генов *eps*.

Как известно специалисту в области техники, как указано выше, активный кластер генов *eps* содержит гены, вовлеченные в регуляцию и модуляцию биосинтеза EPS и гены, вовлеченные в биосинтез и экспорт повторяющихся олигосахаридных звеньев, включая гликозилтрансферазу (GT), полимеразу и переносчик. Если говорить коротко, как понятно специалисту в данной области техники, поскольку штаммы молочнокислых бактерий по первому аспекту способны продуцировать и экспортировать экзополисахарид (EPS), они будут содержать активный кластер генов *eps*. Zeidan et al., 2017 рассматривает производство EPS в LAB и предоставляет подробную информацию о структуре кластеров генов *eps* у LAB.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a), (b) и (c), еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(d), как определено в (i), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(8), как определено в (i), представляет собой штамм DSM 33134 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две,

более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(c5), еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(i), как определено в (ii), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(8), как определено в (ii), представляет собой штамм DSM 33135 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(d), предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(c3), и еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(d), как определено в (iii), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(8), как определено в (iii), представляет собой штамм DSM 33136 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(d), предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(c4), и еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(d), как определено в (iv), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(8), как определено в (iv), представляет собой штамм DSM 33137 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(c4), предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(j), как определено в (v), и предпочтительно по меньшей мере

одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(7), как определено в (v), представляет собой штамм DSM 33138 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(m), предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(с6), и еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(m), как определено в (vi), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(8), как определено в (vi), представляет собой штамм DSM 33139 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(с2), еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(d), как определено в (vii), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(8), как определено в (vii), представляет собой штамм DSM 33140 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(f), предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(с6), и еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(f), как определено в (viii), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(9), как определено в (viii), представляет собой штамм DSM 33141 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(e), более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(c3), еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(e), как определено в (x), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(9), как определено в (ix), представляет собой штамм DSM 33142 или его мутант, или вариант.

Предпочтительно штамм молочнокислых бактерий (LAB) *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит по меньшей мере одну, предпочтительно две, более предпочтительно три нуклеотидные последовательности, выбранные из нуклеотидных последовательностей (a)-(e), еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(c3), еще более предпочтительно все нуклеотидные последовательности (a)-(e), как определено в (xi), и предпочтительно по меньшей мере одну, предпочтительно все из нуклеотидных последовательностей, выбранных из нуклеотидных последовательностей (1)-(8), как определено в (x), представляет собой штамм DSM 33183 или его мутант, или вариант.

Как обсуждается в приведенных в настоящем документе рабочих примерах (см., например, Таблицу 1), раскрытые в настоящем документе новые штаммы *Lactococcus lactis* обладают превосходными текстурирующими свойствами. Кроме того, как показано в Примере 2 и в Таблицах 2 и 3, раскрытые здесь новые штаммы *Lactococcus lactis* также обладают превосходными текстурирующими свойствами в молоке на растительной основе, в частности в соевом молоке с добавлением глюкозы, например, с 0,5-5% глюкозы, предпочтительно с 0,5-2% глюкозы, более предпочтительно с приблизительно 2% глюкозы.

Предпочтительно штаммы текстурирующих молочнокислых бактерий (i)-(x), как описано в настоящем документе, представляют собой штамм LAB, который генерирует ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 40 Па, такое как приблизительно 41 Па, 42 Па, 43 Па, 44 Па, 45 Па, 46 Па или более, предпочтительно

штамм LAB производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 41 Па или более, такое как приблизительно 41 Па, 48 Па, 52 Па, 53 Па, 55 Па, 56 Па, 60 Па, 64 Па, 65 Па или 67 Па, предпочтительно в присутствии содействующего закислению, или вспомогательного, штамма, который предпочтительно выбран из DSM 25485, DSM 33192 и/или DSM 33133, еще более предпочтительно в присутствии DSM 25485, измеренное при скорости сдвига 300 c^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 c^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Не ограничиваясь теорией, не все штаммы способны закислять молоко за 15 часов или менее, т. е. достигать целевого pH, т.е. pH 4,55 за 15 ч или меньше при измерении следующим образом: 200 мл молока средней жирности (1,5 % жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин, затем охлаждают до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения целевого pH. Целевым значением pH может быть, например, pH от 4 до 5, предпочтительно от pH 4,3 до 4,7, более предпочтительно от pH 4,4 до 4,6 и еще более предпочтительно pH 4,45, pH 4,50 или pH 4,55. Температура инокуляции составляет 30°C .

Эти штаммы можно обозначать как «медленно закисляющие» штаммы. Например, как показано в Таблице 1, следующие штаммы могут считаться «медленно закисляющими» штаммами: DSM 33134, 33135, DSM 33136, 33138, 33139, 33141 и 33183.

Для производства ферментированного молока в настоящее время предпочтительно чтобы ферментация молока (закисление) происходила как можно быстрее, например, во избежание роста любых потенциально загрязняющих микроорганизмов. Соответственно, предпочтительно использовать медленно закисляющие штаммы в комбинации с дополнительным штаммом молочнокислых бактерий, который в контексте настоящего изобретения упоминается как

«содействующий закислению» или «вспомогательный» штамм. Содействующий закислению, или вспомогательный, штамм будет помогать «медленно закисляющим» штаммам закислять молоко за меньшее время. Не ограничиваясь теорией, в настоящее время полагают, что содействующий закислению, или вспомогательный, штамм, среди прочего, будет быстрее метаболизировать белки, присутствующие в молоке (казеин), по сравнению с «медленно закисляющим» штаммом, так что «медленно закисляющий» штамм будет иметь более доступный источник азота для своего роста, который тем самым будет облегчаться. LAB необходим экзогенный источник аминокислот или пептидов, что обеспечивается протеолизом белков молока, например, казеина, который является наиболее распространенным белком в молоке и основным источником аминокислот (Savijoki, K., *et al.*, Appl Microbiol Biotechnol (2006) 71: 394–406).

Медленно закисляющие штаммы часто связаны с низкой протеолитической активностью. Протеолиз — это расщепление белков на более мелкие полипептиды или аминокислоты. Протеиназа клеточной стенки (Prt) гидролизует белки молока, такие как казеин, обеспечивая источник азота, что делает молоко пригодным для быстрого роста штаммов. Другие факторы, помимо активности *prt*, такие как углеродный метаболизм, активность *Idh* и *codY*, также могут играть роль. Недостаточно иметь высокую активность *prt*, чтобы быстро закислять молоко. Поглощение и дальнейшая деградация пептидов также важны для скорости закисления молока. Кроме того, производство EPS является очень энергозатратным процессом (Zeidan *et al.*, 2017). Текстурирующие штаммы *L. lactis*, как правило, медленнее закисляют молоко, чем нетекстурирующие штаммы (Poulsen *et al.*, 2019).

Штаммы, способные закислять молоко приблизительно за 15 часов или меньше, могут называться «быстрозакисляющими» штаммами, т. е. штаммами, которые способны достигать целевого pH за 15 часов или меньше, при измерении следующим образом: 200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин, затем охлаждают до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения целевого pH. Температура инокуляции составляет 30°C. Целевым значением pH может быть, например, pH от 4 до 5, предпочтительно от pH 4,3 до 4,7, более предпочтительно от pH 4,4 до 4,6 и еще более предпочтительно pH 4,45, pH 4,50 или pH 4,55.

Эти штаммы могут использоваться в отдельности или в сочетании с другими штаммами для генерирования ферментированного молока. Например, следующие штаммы могут считаться «быстро закисляющими» штаммами: DSM 33137, 33140 и 33142.

Содействующий закислению, или вспомогательный, штамм по настоящему изобретению может представлять собой любой штамм молочнокислых бактерий, который способен:

i) генерировать ферментированное молоко с pH приблизительно 4,55 за 15 ч или менее, предпочтительно за 12 ч или менее, при измерении в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции (30°C), и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения значения pH приблизительно 4,55. Таким образом, можно рассчитать «время достижения pH 4,55» для определенного штамма молочнокислых бактерий; и

ii) генерировать ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 40 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с⁻¹, измеренным при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55, за время достижения pH 4,55) с последующим хранением при 4°C в течение 5 суток с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C.

В предпочтительном воплощении содействующий закислению, или вспомогательный, штамм представляет собой штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит нуклеотидные последовательности (a), (b) и (c), ((a)-(c4)) как определено в (xi):

(xi) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности

аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6955-8145 в SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9309-10727 в SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*); и

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащую:

(c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4008-4478 в SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4478-4960 в SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5015-5965 в SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT3); и

(c4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6026-6955 в SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

В следующем предпочтительном воплощении штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* является таким, как определено в (xii):

(xii) SEQ ID NO.: 290.

Квалифицированный специалист сможет найти дополнительные содействующие закислению, или вспомогательные, штаммы, подходящие для настоящего изобретения. Например, подходящий содействующий закислению, или вспомогательный, штамм может представлять собой штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* является таким, как определено в SEQ ID NO.: 291- 294, где содействующий закислению, или вспомогательный, штамм способен (i) генерировать ферментированное молоко с pH приблизительно 4,55 приблизительно за 15 часов или

меньше, предпочтительно приблизительно за 12 часов или меньше, при измерении, как описано выше, и способен (ii) генерировать ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 40 Па или более, измеренное при скорости сдвига 300 c^{-1} , которое измерено как описано выше.

Например, следующие штаммы также могут применяться в качестве содействующих закислению, или вспомогательных, штаммов в контексте настоящего изобретения: штаммы DSM 33193, DSM 33133, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33203, DSM 33204, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33219, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225, DSM 33140, DSM 33142 и/или DSM 33137, предпочтительно штаммы DSM 33193, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225, и/или DSM 33137.

Соответственно, в настоящем изобретении дополнительно предложено применение любого из штаммов DSM 33193, DSM 33133, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33203, DSM 33204, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33219, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225, DSM 33140, DSM 33142 и/или DSM 33137, предпочтительно применение любого из штаммов DSM 33193, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225 и/или DSM 33137 в качестве содействующего закислению, или вспомогательного, штамма.

Кроме того, штаммы текстурирующих молочнокислых бактерий (i)-(x), как описано в настоящем документе, представляют собой штамм LAB, который генерирует ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 24 Па, такое как приблизительно 27 Па, 28 Па, 29 Па, 30 Па, 32 Па, 35 Па, 37 Па, 42 Па, 47 Па, 54 Па, 59 Па или более, измеренное при скорости сдвига 300 c^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH приблизительно 4,55 (или выше, если штамм перестает закислять при более высоком pH, см. Таблицу 3, таком как pH 4,55, 4,48, 4,71, 4,64, 4,68, 4,58, 4,4, 4,56, 4,58 или 4,86), с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300

с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (i), который предпочтительно представляет собой штамм DSM 33134 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 40 Па, предпочтительно выше 45 Па, такое как 46 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (i), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33134 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 45 Па, предпочтительно более 50 Па, такое как приблизительно 53 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (i): штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (i), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33134 или его

мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 24 Па, предпочтительно выше 30 Па, такое как приблизительно 37 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,56, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (ii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33135 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 40 Па, такое как приблизительно 43 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (ii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33135 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 45 Па, предпочтительно более 50 Па, более предпочтительно выше 60 Па, такое как приблизительно 65 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (ii):штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной

культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (ii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33135 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, такое как приблизительно 30 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с⁻¹ при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,68, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (iii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33136 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 40 Па, такое как приблизительно 41 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с⁻¹ при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (iii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33136 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 45 Па, предпочтительно более 50 Па, более предпочтительно выше 55 Па, такое как приблизительно 60 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (iii):штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 c^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 c^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (iii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33136 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, такое как приблизительно 21 Па, измеренное при скорости сдвига 300 c^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,64, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 c^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (iv), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33137 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 40 Па, такое как приблизительно 45 Па, предпочтительно выше 45 Па, такое

как приблизительно 48 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (iv), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33137 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 45 Па, такое как приблизительно 48 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (iv):штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (iv), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33137 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, такое как приблизительно 30 Па, предпочтительно выше 30 Па, такое как приблизительно 35 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,40, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (v), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33138 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 45 Па, предпочтительно выше 50 Па, такое как приблизительно 55 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с⁻¹ при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (v), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33138 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 45 Па, предпочтительно более 50 Па, более предпочтительно более 60 Па, такое как приблизительно 67 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (v):штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 с⁻¹ при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным

перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (v), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33138 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, такое как приблизительно 27 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,71, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (vi), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33139 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 40 Па, предпочтительно более 45 Па, более предпочтительно выше 50 Па, такое как приблизительно 52 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (vi):штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (vi), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33139 или его

мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, предпочтительно выше 30 Па, такое как приблизительно 42 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,58, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (vii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33140 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 40 Па, предпочтительно выше 45 Па, такое как приблизительно 46 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (vii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33140 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 45 Па, предпочтительно более 50 Па, более предпочтительно более 55 Па, еще более предпочтительно выше 60 Па, такое как приблизительно 64 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (vii):штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (vii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33140 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, такое как приблизительно 28 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с⁻¹ при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (viii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33141 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 40 Па, такое как приблизительно 41 Па, в присутствии содействующего закислению штамма DSM 25485, предпочтительно в соотношении приблизительно 9:1 (LAB согласно (viii):штамм LAB DSM 25485), при скорости сдвига 300 с⁻¹ при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным

перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (viii), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33141 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, предпочтительно выше 30 Па, такое как приблизительно 32 Па, при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,58, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (ix), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33142 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 45 Па, предпочтительно выше 50 Па, более предпочтительно выше 55 Па, такое как приблизительно 56 Па, при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (ix), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33142 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением

сдвига выше 24 Па, предпочтительно выше 30 Па, более предпочтительно выше 40 Па, такое как приблизительно 42 Па, при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (х), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33183 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 60 Па, предпочтительно выше 65 Па, более предпочтительно выше 70 Па, такое как приблизительно 72 Па, при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Например, штамм текстурирующих молочнокислых бактерий (х), который предпочтительно представляет собой штамм *Lactococcus lactis* DSM 33183 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, предпочтительно выше 30 Па, более предпочтительно выше 50 Па, такое как приблизительно 59 Па, при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,86, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300

s^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

В настоящем изобретении также предложен штамм *Lactococcus lactis*, выбранный из следующих штаммов:

- (i) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33134 и производные штамма DSM 33134, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33134;
- (ii) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33135 и производные штамма DSM 33135, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33135;
- (iii) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33136 и производные штамма DSM 33136, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33136;
- (iv) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33137 и производные штамма DSM 33137, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33137;
- (v) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33138 и производные штамма DSM 33138, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33138;
- (vi) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33139 и производные штамма DSM 33139, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33139;
- (vii) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33140 и производные штамма DSM 33140, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33140;
- (viii) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33141 и производные штамма DSM 33141, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33141;
- (ix) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33142 и производные штамма DSM 33142, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33142;

(x) – штамм *Lactococcus lactis* DSM 33183 и производные штамма DSM 33183, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33183.

Кроме того, в настоящем изобретении предложен следующий штамм *Lactococcus lactis* DSM 33192 и производные штамма DSM 33192, где производный штамм характеризуется как имеющий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33192. Кластер генов *eps* DSM 33192 содержит следующие гены в варибельной и консервативной частях:

Варибельная часть: *wzy* (SEQ ID NO.: 194), *wzx* (SEQ ID NO.: 196), ген, кодирующий GT1 (SEQ ID NO.: 190), ген, кодирующий GT2 (SEQ ID NO.: 191), ген, кодирующий GT3 (SEQ ID NO.: 192), ген, кодирующий GT4 (SEQ ID NO.: 193), ген, кодирующий белок семейства глицерофосфотрансфераз (SEQ ID NO.: 195).

Консервативная часть: *epsR* (SEQ ID NO.: 184), *epsX* (SEQ ID NO.: 185), *epsB* (SEQ ID NO.: 188), *epsD* (SEQ ID NO.: 187), *epsL* (SEQ ID NO.: 197), ген, кодирующий белок LytR (SEQ ID NO.: 198), *epsC* (SEQ ID NO.: 186) и *epsE2* (SEQ ID NO.: 189).

Штамм DSM 33192 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 70 Па, предпочтительно выше 80 Па, более предпочтительно выше 85 Па, еще более предпочтительно выше 90 Па, такое как приблизительно 94 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с⁻¹ при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 5,6, с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Штамм DSM 33192 или его мутант или вариант, производит ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига выше 24 Па, предпочтительно выше 30 Па, более предпочтительно выше 40 Па, еще более предпочтительно выше 45 Па, такое как

приблизительно 47 Па, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Композиция, содержащая LAB по изобретению

Во втором аспекте настоящего изобретения предложена композиция, содержащая один или более текстурирующих штаммов *Lactococcus lactis* по изобретению, описанных в первом аспекте настоящего изобретения.

Соответственно, композиция по изобретению содержит по меньшей мере одну из LAB (i) - (x), описанных выше в контексте первого аспекта настоящего изобретения.

В частности, в настоящем изобретении предложена композиция, содержащая один или более текстурирующих штаммов *Lactococcus lactis* по изобретению, описанных в первом аспекте настоящего изобретения, и содействующий закислению, или вспомогательный, штамм, как определено в первом аспекте настоящего изобретения. В предпочтительном воплощении композиция по настоящему изобретению содержит один или более текстурирующих штаммов *Lactococcus lactis* по изобретению, описанных в первом аспекте настоящего изобретения, и содействующий закислению, или вспомогательный, штамм, как определено в первом аспекте настоящего изобретения, в соотношении приблизительно 9:1 (штамм(ы) LAB по настоящему изобретению : содействующий(е) закислению, или вспомогательный(е), штамм(ы)).

Предпочтительно композиция по настоящему изобретению содержит по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по первому аспекту настоящего изобретения и один или более дополнительных штаммов молочнокислых бактерий, где один или более дополнительных штаммов молочнокислых бактерий способны:

i) генерировать ферментированное молоко с рН приблизительно 4,55 за приблизительно 15 ч или менее, предпочтительно за приблизительно 12 ч или менее, при измерении в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции (30°C), и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения значения рН приблизительно 4,55. Таким образом, можно рассчитать «время достижения рН 4,55» для определенного штамма молочнокислых бактерий; и

ii) генерировать ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 40 Па или более при измерении при скорости сдвига 300 с⁻¹ при измерении в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до рН 4,55, времени достижения рН 4,55) с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C.

Более предпочтительно композиция по настоящему изобретению содержит по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* (i) - (x) по первому аспекту настоящего изобретения в комбинации с (a) по меньшей мере одним штаммом молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащим активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит нуклеотидные последовательности (a), (b) и (c), (a-c4) как определено в (xi), или (б) штаммом молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащим активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* является таким, как определено в (xii):

(xi) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и идентичный по меньшей мере на 70%, предпочтительно по меньшей мере на 85%, более предпочтительно по меньшей мере на 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере на 98% и наиболее

предпочтительно на 100% аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6955-8145 последовательности SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов, и имеющая по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9309-10727 последовательности SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как *wzx*); и

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4008-4478 последовательности SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT1);

(c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4478-4960 последовательности SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT2);

(c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере 95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5015-5965 последовательности SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT3); и

(c4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 70%, предпочтительно по меньшей мере 85%, более предпочтительно по меньшей мере

95%, еще более предпочтительно по меньшей мере 98% и наиболее предпочтительно 100% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6026-6955 последовательности SEQ ID NO: 183 (обозначаемой в настоящем документе как GT4);

(xii) SEQ ID NO.: 290.

В еще одном предпочтительном воплощении композиция по настоящему изобретению содержит по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по первому аспекту настоящего изобретения и один или более штаммов молочнокислых бактерий, содержащих активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахариды (EPS), где кластер генов *eps* является таким, как определено в SEQ ID NO: 291- 294, где дополнительный штамм способен (i) генерировать ферментированное молоко с pH приблизительно 4,55 приблизительно за 15 часов или меньше, предпочтительно приблизительно за 12 часов или меньше, при измерении, как описано выше, и способен (ii) генерировать ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига 40 Па или более, измеренное при скорости сдвига 300 с⁻¹, измеренное, как описано выше.

В еще одном предпочтительном воплощении композиция по настоящему изобретению содержит по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* (i) - (x) по первому аспекту настоящего изобретения и один или более штаммов молочнокислых бактерий, выбранных из штаммов DSM 33193, DSM 33133, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33203, DSM 33204, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33219, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225, DSM 33140, DSM 33142, DSM 33137, DSM 33192 и/или DSM 25485, предпочтительно выбранных из штаммов DSM 33193, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225, DSM 33137, DSM 33192 и/или DSM 25485.

Более предпочтительно композиция по изобретению содержит по меньшей мере одну, предпочтительно одну из LAB (i) - (x), как описано выше в контексте первого аспекта настоящего изобретения, и

(i) штамм LAB *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485, или его мутант или вариант; и/или

(ii) штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192, или его мутант или вариант; и/или

(iii) штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* DSM 33133, или его мутант или вариант.

Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33134 и штамм DSM 25485. Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33135 и штамм DSM 25485. Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33136 и штамм DSM 25485. Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33137 и штамм DSM 25485. Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33138 и штамм DSM 25485. Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33139 и штамм DSM 25485. Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33140 и штамм DSM 25485. Например, композиция по настоящему изобретению содержит штамм DSM 33141 и штамм DSM 25485.

Например, композиция по настоящему изобретению может содержать один или более штаммов DSM 33134, DSM 33135, DSM 33136, DSM 33137, DSM 33138, DSM 33139, DSM 33140, DSM 33142 и/или DSM 33141 и один или более содействующих закислению, или вспомогательных, штаммов, как определено в первом аспекте настоящего изобретения, предпочтительно один или более из следующих штаммов: DSM 25485, DSM 33192 и/или DSM 33133.

В еще одном воплощении композиция по настоящему изобретению может содержать штамм DSM 33134 и штамм DSM 24649. В еще одном воплощении композиция по настоящему изобретению может содержать штамм DSM 33139 и штамм DSM 24649.

Предпочтительно композиция по настоящему изобретению в любом из ее воплощений содержит по меньшей мере 1×10^6 КОЕ (колониеобразующих единиц)/мл всех штаммов LAB. Может быть предпочтительным, чтобы композиция содержала по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл по меньшей мере одного, предпочтительно одного штамма молочнокислых бактерий по изобретению.

В еще одном воплощении композиция по изобретению может также содержать по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* согласно первому аспекту настоящего изобретения и дрожжевой экстракт, предпочтительно дрожжевой

экстракт в количестве 0,2%. Дрожжевой экстракт может быть получен из любого источника, доступного специалисту в данной области техники, такого как Procelys (например, дрожжевой экстракт NuCel® 545 MG, номер партии 0005115910, партия AD 18 A05030). Например, композиция по настоящему изобретению может содержать один или более из штаммов DSM 33134, DSM 33137, DSM 33139 и/или DSM 33140 и дрожжевой экстракт, предпочтительно в количестве 0,2%, как описано выше. Как видно из Таблицы 1, присутствие дрожжей может уменьшить время достижения pH 4,55, измеренное, как описано выше, и может привести к получению ферментированного молока с более высоким напряжением сдвига.

Как описано выше в контексте первого аспекта настоящего изобретения, LAB по настоящему изобретению, либо в отдельности, либо в комбинации с содействующим закислению, или вспомогательным, штаммом, предпочтительно штаммом LAB *Lactococcus lactis*, штамм DSM 25485, способны генерировать ферментированное молоко, имеющие высокое напряжение сдвига. Соответственно, композиция по настоящему изобретению способна производить по меньшей мере такое же напряжение сдвига, как напряжение сдвига, описанное для LAB по настоящему изобретению, либо в отдельности, либо в присутствии содействующего закислению, или вспомогательного, штамма, как описано в контексте первого аспекта настоящего изобретения.

Молочнокислые бактерии, в том числе бактерии видов *Lactococcus* sp., обычно поставляются в молочную промышленность в виде замороженных (F-DVS) или лиофилизированных (FD-DVS) культур для размножения производственных заквасок или в виде так называемых культур для «прямого внесения» (DVS), предназначенных для непосредственной инокуляции в ферментер или чан для получения молочного продукта, такого как ферментированный молочный продукт. Такие культуры молочнокислых бактерий обычно называют «стартерными культурами» или «заквасками». Соответственно, композиция по настоящему изобретению может быть замороженной или лиофилизированной. Кроме того, композиция по настоящему изобретению может быть представлена в жидкой форме. Так, в одном воплощении композиция находится в замороженной, высушенной, лиофилизированной или жидкой форме.

Композиция по настоящему изобретению может дополнительно содержать криопротекторы, лиопротекторы, антиоксиданты, питательные вещества, наполнители,

корригенты или их смеси. Композиция предпочтительно содержит один или более из криопротекторов, лиопротекторов, антиоксидантов и/или питательных веществ, более предпочтительно криопротекторов, лиопротекторов и/или антиоксидантов и наиболее предпочтительно криопротекторов или лиопротекторов, или того и другого. Применение веществ-протекторов, таких как криопротекторы и лиопротекторы, известно специалистам в данной области техники. Подходящие криопротекторы или лиопротекторы включают моно-, ди-, три- и полисахариды (такие как глюкоза, манноза, ксилоза, лактоза, сахароза, трегалоза, рафиноза, мальтодекстрин, крахмал и гуммиарабик (аравийская камедь) и т.п.), полиолы (такие как эритрит, глицерин, инозит, маннит, сорбит, треит, ксилит и т.п.), аминокислоты (такие как пролин, глутаминовая кислота), сложные вещества (такие как обезжиренное молоко, пептоны, желатин, дрожжевой экстракт) и неорганические соединения (такие как триполифосфат натрия).

В одном воплощении композиция по настоящему изобретению может содержать один или более криозащитных агентов, выбранных из группы, состоящей из инозин-5'-монофосфата (IMP), аденозин-5'-монофосфата (AMP), гуанозин-5'-монофосфата (GMP), уранозин-5'-монофосфата (UMP), цитидин-5'-монофосфата (CMP), аденина, гуанина, урацила, цитозина, аденозина, гуанозина, уридина, цитидина, гипоксантина, ксантина, гипоксантина, оротидина, тимидина, инозина и производного любого из таких соединений. Подходящие антиоксиданты включают аскорбиновую кислоту, лимонную кислоту и их соли, галлаты, цистеин, сорбит, маннит, мальтозу. Подходящие питательные вещества включают сахара, аминокислоты, жирные кислоты, минералы, микроэлементы, витамины (такие как витамины группы В, витамин С). Композиция может возможно содержать дополнительные вещества, включая наполнители (такие как лактоза, мальтодекстрин) и/или корригенты.

В одном воплощении изобретения криозащитное вещество представляет собой агент или смесь агентов, которые помимо своей криозащитной способности имеют бустерный эффект.

Выражение «бустерный эффект» использовано для описания ситуации, когда криозащитный агент придает повышенную метаболическую активность (бустерный эффект) размороженной или восстановленной культуре, когда ее инокулируют в среду для ферментации или преобразования. Жизнеспособность и метаболическая активность не являются синонимичными понятиями. Коммерчески замороженные или

лиофилизированные культуры могут сохранять свою жизнеспособность, несмотря на потерю значительной части своей метаболической активности, например культуры могут утратить свою кислотопродуцирующую (закисляющую) активность при хранении даже в течение более коротких периодов времени. Таким образом, жизнеспособность и бустерный эффект необходимо оценивать с помощью различных анализов. В то время как жизнеспособность оценивают с помощью анализов жизнеспособности, таких как определение колониеобразующих единиц, бустерный эффект оценивают путем количественного определения соответствующей метаболической активности размороженной или восстановленной культуры по отношению к жизнеспособности культуры. Термин «метаболическая активность» относится к активности культур по утилизации кислорода, их кислотопродуцирующей активности, т.е. продуцированию, например, молочной кислоты, уксусной кислоты, муравьиной кислоты и/или пропионовой кислоты или их активности по продуцированию метаболитов, такой как продуцирование ароматических соединений, таких как ацетальдегид (а-ацетолактат, ацетонин, диацетил и 2,3-бутиленгликоль (бутандиол)).

В одном воплощении композиция по изобретению включает или содержит от 0,2% до 20% криозащитного агента или смеси агентов, измеренных как % масс./масс. материала. Однако предпочтительно добавлять криозащитный агент или смесь агентов в количестве, которое находится в диапазоне от 0,2% до 15%, от 0,2% до 10%, от 0,5% до 7% и от 1% до 6% по массе, в том числе в диапазоне от 2% до 5% криозащитного агента или смеси агентов, измеренных как % масс./масс. замороженного материала по массе. В предпочтительном воплощении культура содержит приблизительно 3% криозащитного агента или смеси агентов, измеренных как % масс./масс. материала по массе. Количество криозащитного агента приблизительно 3% соответствует концентрациям в диапазоне 100 мМ. Следует признать, что для каждого аспекта воплощения изобретения диапазоны могут быть приращениями описанных диапазонов.

В одном воплощении композиция по изобретению может содержать загуститель и/или стабилизатор, такой как пектин (например, НМ пектин (пектин с высоким содержанием метоксильных групп), LM пектин (пектин с низким содержанием метоксильных групп)), желатин, СМС (карбоксиметилцеллюлоза), соевое волокно/соевый полимер, крахмал, модифицированный крахмал, каррагинан, альгинат и гуаровая камедь.

В одном воплощении, в котором микроорганизм продуцирует полисахарид (такой как EPS), который обуславливает богатую/вязкую текстуру кисломолочного продукта, кисломолочный продукт производится по существу без или полностью без добавления какого-либо загустителя и/или стабилизатора, такого как пектин (например, НМ пектин, ЛМ пектин), желатин, СМС, соевое волокно/соевый полимер, крахмал, модифицированный крахмал, каррагинан, альгинат и гуаровая камедь. Выражение «по существу без» следует понимать, как то, что продукт содержит от 0% до 20% (масс./масс.) (например, от 0% до 10%, от 0% до 5%, или от 0% до 2%, или от 0% до 1%) загустителя и/или стабилизатора.

Применение штаммов LAB для повышения вязкости ферментированного молочного продукта

В третьем аспекте настоящего изобретения предложено применение LAB по настоящему изобретению, описанных в первом аспекте, и/или применение композиции по настоящему изобретению, описанной во втором аспекте, для повышения вязкости ферментированного молочного продукта. Так, в третьем аспекте настоящего изобретения предложен способ повышения вязкости (то есть улучшения текстуры) ферментированного молочного продукта, включающий применение LAB по настоящему изобретению, как описано в первом аспекте и/или применение композиции по настоящему изобретению, как описано во втором аспекте.

Как описано выше, штаммы LAB (i)-(x) по настоящему изобретению, описанные в первом аспекте, и композиции по настоящему изобретению, описанные во втором аспекте, способны генерировать ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига более 40 Па, такое как приблизительно 41 Па, 42 Па, 43 Па, 44 Па, 45 Па, 46 Па или более, предпочтительно штаммы/композиции LAB по настоящему изобретению производят ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига 54 Па или более, такое как приблизительно 48 Па, 52 Па, 53 Па, 60 Па, 64 Па, 65 Па, 66 Па, 67 Па, 70 Па или 72 Па, предпочтительно в присутствии содействующего закислению, или вспомогательного, штамма, который предпочтительно выбран из DSM 25485, DSM 33192 и/или DSM 33133, еще более предпочтительно штамма DSM 25485, измеренное при скорости сдвига 300 c^{-1} , в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной

культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Как описано выше, штаммы LAB (i)-(x) по настоящему изобретению, описанные в первом аспекте, и композиции по настоящему изобретению, описанные во втором аспекте, способны генерировать ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига более 24 Па, такое как приблизительно 27 Па, 28 Па, 29 Па, 30 Па, 32 Па, 35 Па, 37 Па, 42 Па, 47 Па, 54 Па, 59 Па или более, измеренное при скорости сдвига 300 с⁻¹, в следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH приблизительно 4,55 (таком как pH 4,55, 4,48, 4,71, 4,64, 4,68, 4,58, 4,4, 4,56, 4,58 или 4,86), с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C. Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

Что касается конкретного напряжения сдвига молока, ферментированного конкретными штаммами LAB по изобретению, в отдельности или в присутствии закисляющего штамма LAB, следует обращаться к первому аспекту настоящего изобретения.

Как обсуждено в контексте первого аспекта настоящего изобретения, некоторые из штаммов LAB по настоящему изобретению способны закислять молоко млекопитающих за 15 часов или меньше, при измерении, как описано в первом аспекте настоящего изобретения («быстро закисляющие» штаммы). Таким образом, эти штаммы предпочтительно можно применять в отдельности или в комбинации с другими штаммами для генерирования ферментированного молока, в частности, для их применения в ферментированном молоке с повышенной вязкостью.

Кроме того, существуют некоторые штаммы LAB по настоящему изобретению, которые не способны закислять молоко млекопитающих за 15 часов или меньше, при измерении, как описано в первом аспекте настоящего изобретения. Их можно назвать «медленно закисляющими» штаммами (например, DSM 33134, 33135, DSM 33136, 33138, 33139, 33141 и/или 33183). Указанные штаммы можно успешно применять в присутствии содействующего закислению, или вспомогательного, штамма, как определено в первом аспекте настоящего изобретения. В частности, эти штаммы можно успешно применять в присутствии штамма DSM 25485 и/или штамма DSM 33192, и/или штамма DSM 33133. Как описано выше, предпочтительно один или более текстурирующих штаммов *Lactococcus lactis* по изобретению, как описано в первом аспекте настоящего изобретения, и содействующий закислению, или вспомогательный, штамм, определенные в первом аспекте настоящего изобретения, применяют в комбинации в соотношении приблизительно 9:1 (штамм(ы) LAB по настоящему изобретению : содействующий(е) закислению, или вспомогательный(е), штамм(ы)).

Как показано в Таблице 1, когда молоко ферментируется одним из штаммов LAB по настоящему изобретению и штаммом DSM 25485, содействующим закислению, значения напряжения сдвига молока увеличиваются и/или «время достижения pH 4,55» уменьшается. Не ограничиваясь теорией, полагают, что, как описано выше, протеолитическая природа DSM 25485 позволяет и/или облегчает рост LAB по настоящему изобретению. Кроме того, полагают, что комбинация EPS, продуцируемого DSM 25485, и EPS, продуцируемого штаммом по настоящему изобретению, обеспечивает наблюдаемую повышенную вязкость ферментированного молока, измеряемую как напряжение сдвига, как описано выше.

Не ограничиваясь теорией, полагают, что эффект увеличения напряжения сдвига молока, ферментированного одной из LAB по настоящему изобретению и содействующим закислению штаммом DSM 25485 (см. Таблицу 1), будет также достигаться при инкубировании молока с одной из LAB согласно (i)-(x) по настоящему изобретению, как описано выше, и штаммом DSM 33192. Штамм DSM 33192 также является протеолитическим штаммом и продуцирует EPS со структурой, подобной структуре EPS, продуцируемого штаммом DSM 25485.

Кроме того, не ограничиваясь теорией, полагают, что эффект увеличения напряжения сдвига молока, ферментированного одной из LAB по настоящему

изобретению и штаммом DSM 25485, содействующим закислению (см. Таблицу 1), также будет достигаться при инкубировании молока с одной из LAB согласно (i)-(x) по настоящему изобретению, как описано выше, и одним или более из следующих штаммов: DSM 33193, DSM 33133, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33203, DSM 33204, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33219, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225, DSM 33140, DSM 33142, DSM 33137, DSM 33192 и/или DSM 25485, предпочтительно одним или более из следующих штаммов DSM 33193, DSM 33196, DSM 33197, DSM 33200, DSM 33201, DSM 33205, DSM 33218, DSM 33220, DSM 33221, DSM 33222, DSM 33224, DSM 33225, DSM 33137, DSM 33192 и/или DSM 25485. Указанные штаммы способны:

i) генерировать ферментированное молоко с pH приблизительно 4,55 за приблизительно 15 ч или менее, предпочтительно за приблизительно 12 ч или менее, при измерении в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции (30°C), и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения значения pH приблизительно 4,55. Таким образом, можно рассчитать «время достижения pH 4,55» для определенного штамма молочнокислых бактерий; и

ii) генерировать ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 40 Па или более при измерении при скорости сдвига 300 с⁻¹ при измерении в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55, времени достижения pH 4,55) с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C.

В конкретном воплощении третьего аспекта в настоящем изобретении предложено применение штамма *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485 для повышения вязкости ферментированного молочного продукта.

Авторы настоящего изобретения обнаружили, что штамм DSM 25485 генерирует ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига более 45 Па, предпочтительно более 50 Па, более предпочтительно более 55 Па, такое как 56 Па, см. Таблицу 1, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренное при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Кроме того, авторы настоящего изобретения неожиданно обнаружили, что штамм DSM 25485 генерирует ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига более 24 Па, предпочтительно более 30 Па, более предпочтительно более 50 Па, такое как 54 Па, см. Таблицу 2, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренное при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

В данном воплощении штамм DSM 25485 можно успешно применять в отдельности и/или в комбинации с одной или более LAB (i)-(x) по настоящему изобретению, описанными в первом аспекте настоящего изобретения. Предпочтительно штамм DSM 25485 можно применять в комбинации с одной или более LAB по настоящему изобретению, описанными в первом аспекте настоящего изобретения, в соотношении приблизительно 9:1 (штамм(ы) LAB по настоящему изобретению : штамм DSM 25485).

В еще одном конкретном воплощении третьего аспекта настоящего изобретения предложено применение штамма DSM 33192 *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* для повышения вязкости ферментированного молочного продукта. Авторы настоящего изобретения неожиданно обнаружили, что штамм DSM 33192 генерирует ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига более 40 Па, предпочтительно более 50 Па, более предпочтительно более 80 Па, еще более предпочтительно более 90 Па, такое как 94 Па, см. Таблицу 1, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренное при следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 1.

Кроме того, авторы настоящего изобретения неожиданно обнаружили, что штамм DSM 33192 генерирует ферментированное молоко, имеющее напряжение сдвига более 24 Па, предпочтительно более 30 Па, более предпочтительно более 40 Па, еще более предпочтительно более 45 Па, такое как 47 Па, см. Таблицу 2, измеренное при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренное при следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы (как описано в Примере 2), инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C . Напряжение сдвига измеряют, используя способ, указанный в Примере 2.

В данном воплощении штамм DSM 33192 можно успешно применять в отдельности и/или в комбинации с одной или более LAB (i)-(x) по настоящему изобретению, описанными в первом аспекте настоящего изобретения. Предпочтительно штамм DSM 33192 применяют в комбинации с одной или более LAB по настоящему

изобретению, описанными в первом аспекте настоящего изобретения, в соотношении приблизительно 9:1 (штамм(ы) LAB по настоящему изобретению : штамм DSM 33192).

В конкретном воплощении третьего аспекта в настоящем изобретении предложено применение штамма DSM 25485 *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* и/или применение штамма DSM 33192 *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* в качестве содействующих закислению, или вспомогательных, штаммов, предпочтительно их применение в комбинации с другими текстурирующими штаммами LAB, такими как штаммы (i)-(x), как определено в первом аспекте настоящего изобретения, для повышения вязкости ферментированного молочного продукта.

Способ получения пищевого продукта и пищевой продукт

В четвертом аспекте настоящее изобретение относится к способу получения пищевого продукта, включающему по меньшей мере одну стадию, на которой применяют по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий (i) - (x), описанный в первом аспекте настоящего изобретения, и/или композицию, описанную во втором аспекте настоящего изобретения. Получение пищевого продукта осуществляют способами, известными специалисту в данной области.

В другом воплощении настоящее изобретение относится к способу получения пищевого продукта, включающему по меньшей мере одну стадию, на которой применяют штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485 или его мутант или вариант.

В другом воплощении настоящее изобретение относится к способу получения пищевого продукта, включающему по меньшей мере одну стадию, на которой применяют штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192 или его мутант или вариант.

«Ферментация» в контексте настоящего изобретения в любом из его воплощений означает превращение углеводов в спирты или кислоты под действием микроорганизмов (LAB). Процессы ферментации, используемые при получении пищевых продуктов, таких как молочные продукты, хорошо известны, и специалист в данной области знает, как выбрать подходящие условия процесса, такие как температура, кислород, количество микроорганизмов и время процесса. Очевидно, что условия ферментации выбирают таким образом, чтобы способствовать осуществлению настоящего изобретения, например для получения пищевого продукта, предпочтительно пищевого продукта,

который имеет улучшенную текстуру по сравнению с пищевым продуктом, полученным способом, который не включает использование по меньшей мере одной из LAB, описанных в первом аспекте настоящего изобретения, или использование композиции, описанной во втором аспекте настоящего изобретения, в любом из его воплощений.

В одном предпочтительном воплощении способ по настоящему изобретению в любом из его воплощений включает ферментирование молочного субстрата, которым может быть субстрат на основе молока млекопитающих или молочный субстрат на растительной основе, такой как соевое молоко, предпочтительно с добавлением глюкозы, например 0,5-5%, предпочтительно 0,5-2%, более предпочтительно 2%, композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл всех штаммов LAB.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33134 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33135 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33136 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33138 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33139 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штамма DSM 33137. Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33137 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штамма DSM 33140. Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33140 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штамма DSM 33142.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штаммов DSM 33141 и DSM 25485.

Например, способ по настоящему изобретению включает ферментирование молочного субстрата композицией, содержащей по меньшей мере 1×10^6 КОЕ, предпочтительно по меньшей мере 1×10^8 КОЕ/мл штамма DSM 33183.

В другом предпочтительном воплощении способ включает ферментирование молочного субстрата композицией, описанной во втором аспекте настоящего изобретения, в любом из его воплощений.

Предпочтительно пищевой продукт представляет собой молочный продукт, а способ в любом из его воплощений включает ферментирование молочного субстрата (в контексте настоящего изобретения также называемого «молочной основой») по меньшей мере одним штаммом LAB и/или композицией по изобретению (первый и второй аспекты, соответственно) и/или с содействующим закислению, или вспомогательным, штаммом, как определено выше, предпочтительно со штаммом DSM 25485 и/или со штаммом DSM 33192.

Предпочтительно пищевой продукт представляет собой молочный продукт, а способ в любом из его воплощений включает ферментирование молочного субстрата на растительной основе (в контексте настоящего изобретения также называемого «молочной основой на растительной основе»), такого как соевое молоко, предпочтительно соевое молоко с добавлением сахара, по меньшей мере одним штаммом LAB и/или композицией по изобретению (первый и второй аспекты, соответственно). Сахар может быть таким как, например, фруктоза, сахароза,

кукурузный сироп с высоким содержанием фруктозы (HFCS), мед, глюкоза, инвертированный сахар, мальтоза, галактоза, лактоза или любая их комбинация. Концентрация сахара может составлять от 0,5% до 5%, от 0,5 до 2%, 0,5%, 1%, 1,5% или 2%, например 0,5-5% глюкозы, предпочтительно 0,5-2%, более предпочтительно приблизительно 2% глюкозы.

Предпочтительно пищевой продукт по настоящему изобретению может дополнительно содержать загуститель и/или стабилизатор, такой как пектин (например, НМ пектин, ЛМ пектин), желатин, СМС, соевое волокно/соевый полимер, крахмал, модифицированный крахмал, каррагинан, альгинат и гуаровая камедь.

В конкретном воплощении пищевой продукт представляет собой молочный продукт, мясной продукт, овощной продукт, фруктовый продукт или зерновой продукт. В предпочтительном воплощении пищевой продукт представляет собой молочный продукт. В другом предпочтительном воплощении пищевой продукт представляет собой пищевой продукт на растительной основе, такой как ферментированное соевое молоко.

Термин «молочный продукт», используемый в настоящем документе, относится к пищевому продукту, изготавливаемому из молока. Как указано выше, в контексте настоящей заявки термин «молоко» широко применяется в его общепринятом значении и относится к жидкостям, произведенным молочными железами млекопитающих (например, коров, овец, коз, буйволов, верблюдов и т.д.) или растениями. В другом предпочтительном воплощении молоко представляет собой коровье молоко. В соответствии с настоящим изобретением, молоко может быть обработанным, и термин «молоко» включает цельное молоко, снятое молоко, обезжиренное молоко, молоко с низким содержанием жира, молоко с полным содержанием жира, молоко с пониженным содержанием лактозы или концентрированное молоко. Обезжиренное молоко представляет собой не содержащий жира или снятый молочный продукт. Молоко с низким содержанием жира обычно характеризуют как молоко, содержащее от приблизительно 1% до приблизительно 2% жира. Молоко с полным содержанием жира часто содержит 2% жира или более. Термин «молоко» предназначен охватывать молоко от различных млекопитающих и молоко из растительных источников. Млекопитающие - источники молока включают, без ограничения, корову, овцу, козу, буйвола, верблюда, ламу, кобылу и оленя. Растительные источники молока включают, без ограничения, молоко, экстрагированное из соевых бобов. В конкретном воплощении молоко

представляет собой коровье молоко. В другом конкретном воплощении молоко представляет собой молоко на растительной основе, предпочтительно соевое молоко, в которое может предпочтительно быть добавлен сахар, например, такой как фруктоза, сахароза, кукурузный сироп с высоким содержанием фруктозы (HFCS), мед, глюкоза, инвертированный сахар, мальтоза, галактоза, лактоза или любая их комбинация. Концентрация сахара может составлять от 0,5% до 5%, от 0,5 до 2%, 0,5%, 1%, 1,5% или 2%, например 0,5-5% глюкозы, предпочтительно 0,5-2% глюкозы, более предпочтительно приблизительно 2% глюкозы.

Предпочтительными молочными продуктами в соответствии с настоящим изобретением являются ферментированные молочные продукты и сыр. В конкретном воплощении молочный продукт представляет собой мезофильный молочный продукт.

В конкретном воплощении изобретения ферментированный молочный продукт выбран из группы, состоящей из пахты, кислого молока, сквашенного молока, сметаны, кислых сливок, высокожирных сливок, культивированных сливок, юмера, ферментированной молочной сыворотки, кефира, якульта и молодого сыра, такого как кварк, творог и творожный сыр. В частности, ферментированный молочный продукт выбирают из группы, состоящей из кварка, сметаны и кефира. В предпочтительном воплощении изобретения ферментированный молочный продукт содержит дополнительный пищевой продукт, выбранный из группы, состоящей из фруктового напитка, зерновых продуктов, ферментированных зерновых продуктов, химически закисленных зерновых продуктов, продуктов из соевого молока, продуктов из ферментированного соевого молока и любой их смеси. В другом предпочтительном воплощении ферментированный молочный продукт представляет собой ферментированный молочный продукт на растительной основе, такой как ферментированное соевое молоко (например, «плантгурт» от компании «Alpro»).

Ферментированный молочный продукт обычно содержит белок на уровне от 1,0% по массе до 12,0% по массе, предпочтительно от 2,0% по массе до 10,0% по массе. В конкретном воплощении сметана содержит белок на уровне от 1,0% по массе до 5,0% по массе, предпочтительно от 2,0% по массе до 4,0% по массе. В конкретном воплощении кварк содержит белок на уровне от 4,0% по массе до 12,0% по массе, предпочтительно от 5,0% по массе до 10,0% по массе.

Предпочтительно пищевой продукт имеет улучшенную текстуру (улучшенную вязкость, измеренную как напряжение сдвига при 300 с^{-1} , как описано в настоящем изобретении и, например, в Примере 1) по сравнению с пищевым продуктом, полученным с помощью сопоставимого способа, который не включает применение по меньшей мере одной LAB, описанной в первом аспекте настоящего изобретения, и/или применение композиции, описанной во втором аспекте настоящего изобретения, в любом из его воплощений, и/или применение штамма DSM 25485 и/или DSM 33192.

Изобретение также относится к пищевому продукту, предпочтительно молочному продукту, содержащему по меньшей мере один штамм LAB, описанный в первом аспекте настоящего изобретения.

Изобретение охватывает любую комбинацию вышеописанных элементов, аспектов и воплощений во всех их возможных вариациях, если иное не указано в настоящем документе или в остальном явно противоречит контексту. Воплощения настоящего изобретения описаны ниже только в качестве примеров.

ПРИМЕРЫ

Пример 1. Высокопроизводительный скрининг текстурирующих штаммов и измерение текстуры молочного геля

L. lactis применяют для получения многочисленных ферментированных молочных продуктов, включая сыр и мезофильное ферментированное молоко, такое как пахта и сметана. Штаммы, продуцирующие полисахариды, представляют большой интерес для этих применений, поскольку полисахариды, высвобождаемые в среду, могут привести к улучшению текстурных свойств пахты и сметаны, а капсульные полисахариды могут привести к улучшению влагоудерживающей способности и, таким образом, к увеличению выхода, например, сыра.

Молоко (жидкость) обычно превращается в молочный гель (мягкое твердое вещество) при ферментации молочнокислыми бактериями, обычно принадлежащими, например, *Streptococcus thermophilus*, *Lactobacillus* spp. и *Lactococcus lactis* spp. Для оценки реологических свойств геля ферментированного молока, таких как напряжение сдвига, обычно используют реометр или анализатор текстуры. Измерения напряжения сдвига связаны с ощущением густоты во рту, когда текстуру молочных гелей оценивает комиссия по сенсорному анализу. Высокая степень густоты, ощущаемой в полости рта, считается важным фактором качества кисломолочных гелей, таких как йогурт, и

принятие потребителями часто очень тесно связано со свойствами текстуры, такими как степень густоты, ощущаемая в полости рта, которая является функцией напряжения сдвига.

Для скрининга текстурирующих штаммов согласно описанию Poulsen *et al.*, 2019, использовали устройство для работы с жидкостями Hamilton Robotics MicroLab Star, оснащенное датчиками давления, расположенными внутри цилиндров вытеснения воздуха индивидуальных пипеток. Устройство для работы с жидкостями имеет датчики давления, расположенные в головном пространстве канала каждой пипетки. Данные о давлении от каждого датчика собирали с помощью программного обеспечения TADM (полного мониторинга аспирации и дозирования) устройства для работы с жидкостями Hamilton Robotics MicroLab Star (Hamilton Robotics) и использовали для оценки относительного напряжения сдвига образцов молочного геля.

Проводили скрининг текстурирующих свойств *L. lactis* из библиотеки для скрининга высокопроизводительных штаммов с использованием инструмента TADM робота для работы с жидкостями Hamilton, как указано выше, в масштабе 2 мл. Данные зависимости давления от времени (TADM) получали на образцах объемом 2 мл, приготовленных в 96-луночной планшете для микротитрования, куда инокулировали молоко категории В в течение 20 часов при 30°C в присутствии различных штаммов (1% инокулята) если не указано иное, и затем хранили при 4°C в течение 1 суток. Для измерения давления при аспирации использовали устройство для работы с жидкостями Hamilton, а площадь над кривыми давления, полученными при аспирации, использовали для сравнения текстурирующих способностей штаммов.

Данные о напряжении сдвига получали путем инокуляции тех же микробных культур в молоко средней жирности (1,5% жира); молоко нагревали при 90°C в течение 20 минут и охлаждали до температуры инокуляции перед инокуляцией 1% объема ночной микробной культуры. Инокуляцию проводили в течение 8-22 ч при 30°C в объеме 200 мл до рН приблизительно 4,55 с последующим охлаждением до 4°C и хранением до измерения напряжения сдвига обычно в течение 1-7 суток, например в течение 5 суток при 4°C. После хранения ферментированное молоко осторожно перемешивали при помощи палочки, снабженной перфорированным диском, до гомогенности образца. Напряжение сдвига образцов оценивали при помощи реометра

(Anton Paar Physica Rheometer with ASC, Automatic Sample Changer, Anton Paar® GmbH, Austria) со следующими настройками:

- Время ожидания (для восстановления в некоторой степени исходной структуры)
- 5 минут без колебания или вращения
- Вращение (для измерения напряжения сдвига при 300 c^{-1} и так далее)
- $\dot{\gamma} = [0,2707-300] \text{ c}^{-1}$ и $\dot{\gamma} = [275-0,2707] \text{ c}^{-1}$

Измерения включали 21 точку в течение 210 с (каждые 10 с) при увеличении до 300 c^{-1} и 21 точку в течение 210 с (по одной каждые 10 с) при снижении до $0,2707 \text{ c}^{-1}$. Для анализа данных выбирали напряжение сдвига при скорости сдвига 300 c^{-1} .

При помощи реометра подтвердили хорошую текстурирующую способность 11 штаммов DSM 33134, 33135, DSM 33136, 33137, 33138, 33139, 33140, 33141, 33142, 33183 и 33192, как описано выше. Кроме того, при помощи реометра также подтвердили хорошую текстурирующую способность штамма DSM 25485, как описано выше. Результаты приведены в Таблице 1.

Таблица 1. Напряжение сдвига и время достижения pH 4,55 для отобранных текстурирующих штаммов (1% инокулята) ± дрожжевой экстракт (0,2%, подробности см. ниже) ± возможный содействующий закислению штамм (DSM 24649 или DSM 25485) инкубировали в прошедшем тепловую обработку молоке средней жирности при 30°C, как описано выше. Некоторые из исследуемых штаммов являются медленно закисляющими, и для закисления молока за приемлемое время, например 15 ч или менее, для достижения pH 4,55 им необходимо либо присутствие дрожжевого экстракта, либо содействующего закислению штамма. Штаммы DSM 29291, DSM 24649 и DSM 25485 использовали в отдельности или в комбинации с исследуемыми штаммами и/или в качестве потенциальных содействующих закислению (10% инокулята, что соответствует соотношению 9:1 (отобранный текстурирующий штамм : содействующий закислению штамм). Как правило, использовали 1% инокулята штаммов в молоке (то есть 2 мл инокулята ночной культуры в среде M17, добавленной к 200 мл молока). Когда в качестве инокулята использовали один штамм, 2 мл (100%) этого штамма добавляли к 200 мл молока (1% инокулята в молоке). При использовании штамма вместе с содействующим закислению штаммом использовали 90% исследуемого штамма (1,8 мл) и 10% (0,2 мл) содействующего закислению штамма (10% инокулята для содействующего закислению штамма, соотношение 9:1 (отобранный текстурирующий штамм: содействующий закислению штамм).

Номер депонирования DSMZ	Напряжение сдвига, Па					Время достижения pH 4,55, ч				
	в отдельности	+24649	+25485	+33192	+дрожжевой экстракт	в отдельности	+24649	+25485	+33192	+ дрожжевой экстракт
24649	20					8				
25485	56					12				
33192	94				88	14				12
29291	39		40	52	45	11		12	12	8
33134	46	45	53		53	18	13	13		7
33135	43	28	65		36	18	10	11		8
33136	41	24	60		37	18	11	12		8
33137	48	39	48		56	10	10	11		8
33138	55	26	67		36	18	10	11		8
33139	2	42	52		53	18	10	10		7
33140	46	25	64		44	15	10	11		10
33142	56					13				
33141			41		38			15		8
33183	72					18				

Следующие текстурирующие штаммы были классифицированы как «медленно закисляющие», так как они были способны достигать pH 4,55 более чем за 15 часов при измерении, как описано выше, при выращивании в отдельности (Таблица 1): DSM 33134, 33135, DSM 33136, 33138, 33139 и 33141. Дрожжевой экстракт (YE, 0,2%) или содействующий закислению штамм (DSM 24649 или DSM 25485) добавляли к молочной основе, чтобы помочь росту медленно закисляющих штаммов в молоке. Дрожжевой экстракт получали от Procelys (дрожжевой экстракт NuCel® 545 MG, номер партии 0005115910, партия AD 18 A05030).

Дрожжевой экстракт может увеличить скорость закисления, но от имел отрицательное влияние на развитие текстуры при совместном инкубировании с некоторыми исследуемыми штаммами, например DSM 33135, DSM 33136, 33138. DSM 33138 потерял 1/3 своей текстуры (выраженной как напряжение сдвига) в присутствии дрожжевого экстракта.

Цель добавления содействующих закислению штаммов заключалась в том, чтобы помочь текстурирующим штаммам быстрее закислять молоко, а именно достигать pH приблизительно 4,55 за 15 часов или меньше, и не оказывать негативного влияния на их текстуру, что часто наблюдают в присутствии дрожжевого экстракта. Также, различные полисахариды, продуцируемые двумя или более различными штаммами, выращиваемые вместе, могут оказывать синергетическое влияние на текстуру. Например, DSM 33135, выращиваемый в присутствии 10% DSM 25485, как описано выше, обеспечивал как повышенную скорость закисления, так и улучшенную текстуру: напряжение сдвига комбинации DSM 33135 и DSM 25485 было значительно выше, чем у DSM 25485 или DSM 33135 в отдельности. Аналогично, напряжение сдвига комбинации DSM 33140 и DSM 25485 было значительно выше, чем у DSM 25485 или DSM 33140 в отдельности. DSM 33137 вел себя подобным образом в присутствии DSM 25485 (Таблица 1). Поскольку DSM 33134, 33135, DSM 33136, 33138, 33139 и 33141 являются медленно закисляющими при самостоятельной ферментации молока (для достижения pH 4,55 требовалось более 15 часов, как описано выше), было целесообразно протестировать их в присутствии содействующего закислению штамма, который помог бы сократить время закисления и в то же время не оказал бы отрицательного влияния на создаваемую вязкость, измеряемую как напряжение сдвига, как в Таблице 1.

Пример 2. Реологические измерения текстуры соевого молока

Проводили реологические измерения 14 штаммов *L. lactis* в соевом молоке с добавлением 2% глюкозы.

В данном Примере исследовали следующие штаммы: DSM 24649 (не текстурирующий); DSM 33134; DSM 33135; DSM 33136; DSM 33137; DSM 33138; DSM 33139; DSM 33140; DSM 33141; DSM 33142; DSM 33183; DSM 33192 и DSM 25485.

В качестве молочной основы использовали соевое молоко с добавлением 2% глюкозы. Соевое молоко было органическим и неподслащенным, полученным от Naturli' Foods, и имело следующий состав на 100 мл:

Жиры: 2,1 г

- в том числе насыщенные жиры: 0,4 г

Углеводы: 0,1 г

- в том числе сахара: 0,1 г

Волокна: 0,6 г

Белок: 3,7 г

Соль: 0,04 г

Молоко было уже стерилизованным, никакой предварительной обработки перед его применением не проводили. В него добавляли 2% глюкозы.

1% по объему ночной культуры микроорганизмов (полученной путем инокуляции культурой микроорганизмов среды M17 с добавлением 2% глюкозы при 30°C) инокулировали соевое молоко с 2% глюкозы. Инокуляцию проводили при 30°C в объеме 200 мл до pH приблизительно 4,55 (конкретные значения pH, достигавшиеся в каждой культуре, приведены в Таблице 3) с последующим охлаждением до 4°C и хранением до измерения напряжения сдвига обычно в течение 1-7 суток, например в течение 5 суток. После хранения ферментированное молоко осторожно перемешивали при помощи палочки, снабженной перфорированным диском, до гомогенности образца. Напряжение сдвига образцов оценивали при помощи реометра (Anton Paar Physica Rheometer with ASC, Automatic Sample Changer, Anton Paar® GmbH, Austria) со следующими настройками:

- Время ожидания (для восстановления в некоторой степени исходной структуры)
- 5 минут без колебания или вращения
- Вращение (для измерения напряжения сдвига при 300 с⁻¹ и так далее)
- $\dot{\gamma} = [0,2707-300] \text{ с}^{-1}$ и $\dot{\gamma} = [275-0,2707] \text{ с}^{-1}$

Измерения включали 21 точку в течение 210 с (каждые 10 с) при увеличении до 300 с⁻¹ и 21 точку в течение 210 с (по одной каждые 10 с) при снижении до 0,2707 с⁻¹. Для анализа данных выбирали напряжение сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹.

Данные по напряжению сдвига (Па) приведены в Таблице 2 ниже. «Alpro» относится к «Alpro naturell soft & creamy plantgurt», имеющемуся в продаже ферментированному соевому молоку от «Alpro» (<https://www.alpro.com/se/produkter/vaxtbaserad-yoghurt-variant/mild-creamy/mild-creamy-naturell/>), имеющему следующий состав на 100 мл:

Энергетическая ценность	210 кДж / 50 ккал
Жиры	2,3 г
Насыщенные жирные кислоты	0,4 г
Мононенасыщенные	0,5 г
Полиненасыщенные	1,4 г
Углеводы	2,1 г
Сахар	2,1 г
Волокна	1 г
Белок	4 г
Соль	0,3 г
Витамины	
Витамин D	0,75 мкг
Витамин B12	0,38 мкг
Минералы	
Кальций	120 мг

И со следующими ингредиентами: вода, очищенные соевые бобы (7,9%), сахар, трикальцийцитрат, стабилизатор (пектин), регуляторы кислотности (цитрат натрия, лимонная кислота), морская соль, антиоксиданты (богатый токоферолом экстракт, сложные эфиры аскорбиновой кислоты и пищевых жирных кислот), витамины (B12, D2), йогуртовая культура (*S. thermophilus*, *L. bulgaricus*). Следует отметить, что Alpro содержит пектин, который улучшает текстуру ферментированного молока. Однако молочная основа, которую использовали в данном Примере (соевое молоко с добавлением 2% глюкозы), не содержит пектин.

Таблица 2. Напряжение сдвига (Па) при нескольких скоростях сдвига (с^{-1}) для отобранных текстурирующих штаммов (1% инокулята), инкубированных в соевом молоке с 2% глюкозы, как описано выше.

Напряжение сдвига (Па) при скорости сдвига (с ⁻¹)																					
Образец	0,27	15	30	45	60	75	90	105	120	135	150	165	180	195	210	225	240	255	270	285	300
Alpro	17	36	40	42	44	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	56	57	58	60	60
DSM 24649	7	16	18	19	20	20	21	21	21	21	22	22	22	23	23	23	23	24	24	24	24
DSM 33134	6	18	21	24	27	28	30	31	32	32	33	33	34	34	35	35	35	36	36	37	37
DSM 33135	6	18	20	22	24	25	25	26	26	27	27	27	28	28	28	28	28	29	29	29	30
DSM 33136	6	16	19	20	22	23	24	24	25	25	26	26	27	27	27	28	28	29	29	29	29
DSM 33137	5	16	18	20	22	24	26	27	28	29	30	30	31	31	32	32	33	34	34	34	35
DSM 33138	6	15	17	19	20	21	22	23	23	24	24	24	25	25	25	26	26	26	27	27	27
DSM 33139	5	17	20	23	26	29	31	32	34	35	36	37	37	38	38	39	40	40	41	41	42
DSM 33140	5	16	18	19	20	21	22	23	24	24	24	25	25	26	26	26	27	27	28	28	28
DSM 33141	5	15	18	20	22	23	25	26	26	27	27	28	28	29	29	30	30	31	31	31	32
DSM 33142	5	15	19	22	24	27	29	31	32	34	35	36	37	37	38	39	39	40	41	41	42
DSM 33183	5	18	25	31	36	40	43	46	48	50	52	53	55	56	56	57	57	58	58	59	59
DSM 25485	6	17	25	30	34	38	41	43	45	47	48	49	50	51	52	52	53	53	54	54	54
DSM 33192	5	16	21	25	29	32	35	37	39	40	41	42	43	43	44	45	46	46	46	47	47

Как можно видеть в Таблице 2, все отобранные текстурирующие штаммы показали более высокое напряжение сдвига при ферментировании соевого молока с добавлением 2% глюкозы по сравнению с отрицательным контролем (DSM24649).

Наконец, в **Таблице 3** показаны значения pH, достигавшиеся каждым из штаммов, и время достижения этого pH (в часах).

Таблица 3. Время достижения pH для отобранных текстурирующих штаммов (1% инокулята), инкубированных в соевом молоке с 2% глюкозы, как описано выше.

Штамм (DSM)	Достигнутое значение pH	Время достижения pH, ч
Alpro		
DSM 24649+2% Глюкоза	4,55	8
DSM 33134+2% Глюкоза	4,56	20,5
DSM 33135+2% Глюкоза	4,68	21,5
DSM 33136+2% Глюкоза	4,64	20,5
DSM 33137+2% Глюкоза	4,40	8
DSM 33138+2% Глюкоза	4,71	21,5
DSM 33139+2% Глюкоза	4,58	15,5
DSM 33140+2% Глюкоза	4,55	11
DSM 33141+2% Глюкоза	4,58	16
DSM 33142+2% Глюкоза	4,55	12
DSM 33183+2% Глюкоза	4,86	20,5
DSM 25485+2% Глюкоза	4,55	16
DSM 33192+2% Глюкоза	4,55	14

Пример 3. Секвенирование геномов штаммов лактококков

Геном штаммов секвенировали самостоятельно в компании Chr. Hansen, как описано Agersø *et al.* (Agersø *et al.*, 2018). Кратко, общую ДНК очищали и использовали для получения библиотеки спаренных концевых фрагментов 250 п.н. для секвенирования генома с использованием системы Illumina MiSeq. Отсекали нуклеотиды с низким качеством прочтения (показатель Phred менее 25) и объединяли в контиги с

использованием алгоритма сборки *de novo* в программе CLC Genomics Workbench версии 10.1.1 (CLC bio, Qiagen Bioinformatics). Осуществляли фильтрацию полученной сборки генома путем удаления контигов с покрытием менее 15X и/или менее 20% от медианного значения покрытия сборки. Консенсусную последовательность оставшихся контигов переводили в формат FASTA, который называется черновой последовательностью генома, и использовали в последующем анализе последовательности.

Пример 4. Характеристика кластеров генов *eps* штаммов лактококков

Поскольку улучшенная текстура ассоциирована с продуцированием полисахаридов, проводили поиск кластеров генов *eps*. Подвижные генетические элементы (IS элементы, также называемые транспозазами), фланкирующие оперон или находящиеся внутри него, постоянно присутствуют в архитектуре кластеров генов *eps*, однако они не задействованы в биосинтезе полисахаридов. Биосинтез внеклеточных полисахаридов у *L. lactis* осуществляется по Wzy-зависимому пути. В настоящем документе использовали номенклатуру, предложенную Zeidan *et al.* (2017). Консервативные гены в начале кластеров генов *eps* обозначали *epsRXCDB*, а находящиеся в конце — *epsL* и *lytR*, при этом полимеразу получила название *wzy*, а флиппазу — *wzx*.

Гены, расположенные на 5'-конце кластера генов *eps epsRXCDB*, участвующие в механизмах модуляции и сборки биосинтеза полисахаридов, а также *epsL* и *lytR* на 3'-конце, демонстрировали наибольшую степень консервативности. Гены варибельной части, включая полимеразу *wzy*, флиппазу *wzx* и глюкозилтрансферазы (GT) или другие ферменты, модифицирующие полимеры, редко были схожими у штаммов. Общим знаменателем для текстурирующих штаммов является то, что все они содержат гены, необходимые для продуцирования полисахаридов, например *epsCDBE-wzy-wzx* и GT (Zeidan *et al.* 2017).

Кластер генов *eps* DSM 33134 имеет длину 18254 п.н. и содержит 20 открытых рамок считывания (ORF), соответствующие восьми консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 12 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают три гликозилтрансферазы (GT1, GT2, GT3), дегидрогеназу сахаров нуклеотидов, полимеразу *wzy* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Три GT вместе с предполагаемой дегидрогеназой сахаров нуклеотидов возможно участвуют в последовательном построении повторяющегося

звена, хотя их конкретные функции и, следовательно, порядок действия не были продемонстрированы. Частью кластера генов *eps* в DSM 33134 также являются пять IS элементов.

Кластер генов *eps* DSM 33135 имеет длину 27444 п.н. и содержит 31 ORF, соответствующие восьми консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 19 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают пять гликозилтрансфераз (GT1, GT2, GT3, GT4, GT5), dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазу, dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу, dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразу, DUF1919, DUF4422, UDP-галактопиранозомутазу, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Частью кластера генов *eps* в DSM 33135 также являются девять IS элементов. Белок семейства VanZ обычно обнаруживают в кластерах генов *eps* у *S. thermophilus*, но не у *L. lactis*.

Кластер генов *eps* DSM 33136 имеет длину 18365 п.н. и содержит 18 ORF, соответствующие восьми консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 10 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают три гликозилтрансферазы (GT1, GT2, GT3), полисахарид-пирувилтрансферазу, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Три GT вместе с предполагаемой полисахарид-пирувилтрансферазой возможно участвуют в последовательном построении повторяющегося звена, хотя их конкретные функции и, следовательно, порядок действия не были продемонстрированы. Частью кластера генов *eps* в DSM 33136 также являются два IS элемента. Белок семейства VanZ обычно обнаруживают в кластерах генов *eps* у *S. thermophilus*, но не у *L. lactis*.

Кластер генов *eps* DSM 33137 имеет длину 20584 п.н. и содержит 21 ORF, соответствующие восьми консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 13 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают четыре гликозилтрансферазы (GT1, GT2, GT3, GT4), Cre-2/I-ветвящий белок, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Частью кластера генов *eps* в DSM 33137 также являются пять IS элементов. Белок семейства VanZ обычно обнаруживают в кластерах генов *eps* у *S. thermophilus*, но не у *L. lactis*.

Кластер генов *eps* DSM 33138 имеет длину 21315 п.н. и содержит 23 ORF, соответствующие семи консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 16 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе

полисахаридов, включают четыре гликозилтрансферазы (GT1, GT2, GT3, GT4), DUF1972, DUF4422, DUF1919, UDP-галактопиранозомутазу, dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразу, dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазу, dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Частью кластера генов *eps* в DSM 33138 также являются три IS элемента. Белок семейства VanZ обычно обнаруживают в кластерах генов *eps* у *S. thermophilus*, но не у *L. lactis*.

Кластер генов *eps* DSM 33139 имеет длину 27175 п.н. и содержит 29 ORF, соответствующие восьми консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 21 гену варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают шесть гликозилтрансфераз (GT1, GT2, GT3, GT4, GT5, GT6), две NAD-зависимые эпимеразы, дегидрогеназу сахаров нуклеотидов, RfbA, dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазу, dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразу, две ацилтрансферазы, dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазу, нуклеотидилтрансферазу, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Белок семейства VanZ также является частью кластера генов DSM 33139; обычно его обнаруживают в кластерах генов *eps* у *S. thermophilus*, но не у *L. lactis*.

Кластер генов *eps* DSM 33140 имеет длину 18226 п.н. и содержит 19 ORF, соответствующие восьми консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 11 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают три гликозилтрансферазы (GT1, GT2, GT3), UDP-N-ацетилглюкозамин-LPS N-ацетилглюкозаминтрансферазу, белок биосинтеза капсулы CapC, полимеразу *wzu* и вторую полимеразоподобную последовательность *wzyI*, которая, вероятно, является слишком короткой, чтобы быть функциональной, а также флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Частью кластера генов *eps* в DSM 33140 также являются три IS элемента.

Кластер генов *eps* DSM 33141 имеет длину 24364 п.н. и содержит 25 ORF, соответствующие девяти консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 16 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают шесть гликозилтрансфераз (GT1, GT2, GT3, GT4, GT5, GT6), ацетилтрансферазу, дегидрогеназу сахаров нуклеотидов, ацилтрансферазу, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Частью кластера генов *eps* в DSM 33141 также являются два IS элемента.

Кластер генов *eps* DSM 33142 имеет длину 16953 п.н. и содержит 19 ORF, соответствующие девяти консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 10 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают три гликозилтрансферазы (GT1, GT2, GT3), дегидрогеназу сахаров нуклеотидов, ацетилтрансферазу, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Частью кластера генов *eps* в DSM 33142 также являются три IS элемента.

Кластер генов *eps* DSM 33183 имеет длину 16476 п.н. и содержит 19 ORF, соответствующие восьми консервативным генам (*epsRXCDBEL*, *lytR*) и 10 генам варибельной части. Гены варибельной части, вероятно, участвующие в биосинтезе полисахаридов, включают три гликозилтрансферазы (GT1, GT2, GT3), дегидрогеназу сахаров нуклеотидов, ацетилтрансферазу, полимеразу *wzu* и флиппазу (переносчик полисахаридов) *wzx*. Частью кластера генов *eps* в DSM 33183 также являются три IS элемента.

Для аннотации открытых рамок считывания (ORF) штаммов коллекции культур CHCC (коллекция культур Chr. Hansen) использовали анализ BLAST. Сравнительный анализ кластеров генов *eps* осуществляли с использованием инструмента cd-hit (<http://weizhongli-lab.org/cd-hit/>). Процент идентичности последовательностей рассчитывали с использованием матрицы процента идентичности Clustal Omega (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>).

Новые текстурирующие штаммы имеют кластеры генов *eps*, которые не являются подобными описанным в литературе или на веб-сайте NCBI. Кроме того, кластеры генов *eps* уникальны по сравнению с известными текстурирующими штаммами коллекции культур Chr. Hansen (Фиг. 1).

Депонирование и решение экспертизы

По просьбе заявителя образец депонированных микроорганизмов, указанных ниже, может быть доступен только эксперту до даты выдачи патента. В частности, заявитель требует, чтобы доступ к депонированному микроорганизму, указанному в правиле 33 ЕРС, осуществлялся только путем выдачи образца независимому эксперту, назначенному запрашивающей стороной (правило 32(1) ЕРС).

Таблица 4. Депонирование, осуществленное Заявителем, CHR. HANSEN A/S, в учреждении-депозитории, получившем статус Международного органа по депонированию в соответствии с Будапештским договором о международном признании депонирования микроорганизмов для целей патентной процедуры: *Институт Лейбница DSMZ-Немецкая коллекция микроорганизмов и клеточных культур*, Inhoffenstr. 7B, 38124 Брауншвейг, Германия.

Штамм	Рег. номер	Дата депонирования
<i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>cremoris</i>	DSM 25485	Декабрь 14, 2011
<i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>cremoris</i>	DSM 24649	Март 15, 2011
<i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>lactis</i>	DSM 29291	Август 21, 2014
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33134	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33135	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33136	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33137	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33138	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33139	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33140	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33141	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33192	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33142	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33183	Июнь 19, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33201	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33133	Май 28, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33225	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33222	Июль 3, 2019

<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33203	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33200	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33193	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33196	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33197	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33204	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33205	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33220	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33221	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33218	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33219	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33224	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33202	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33195	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33194	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33226	Июль 3, 2019
<i>Lactococcus lactis</i>	DSM 33223	Июль 3, 2019

Литература

1. Zeidan *et al.*, 2017, Polysaccharide production by lactic acid bacteria: from genes to industrial applications. FEMS Microbiol Rev 41: 168-200.
2. Bentley *et al.*, 2006, Genetic analysis of the capsular biosynthetic locus from all 90 pneumococcal serotypes, PLoS Genet. 2:e31.
3. Dabour and LaPointe, 2005, Identification and Molecular Characterization of the Chromosomal Exopolysaccharide Biosynthesis Gene Cluster from *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* SMQ-461, Appl Environ Microbiol., 71: 7414–7425.
4. Kleerebezem M., *et al.*, 2002, Metabolic engineering of *Lactococcus lactis*: the impact of genomics and metabolic modelling, Journal of Biotechnology 98 (2002) 199–213.
5. Nierop Groot M.N., Kleerebezem M., 2007, Mutational analysis of the *Lactococcus lactis* NIZO B40 exopolysaccharide (EPS) gene cluster: EPS biosynthesis correlates with unphosphorylated EpsB, J Appl Microbiol., 103: 2645-2656.
6. Pan D., Mei X., 2010, Antioxidant activity of an exopolysaccharide purified from *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* 12, Carbohydrate Polymers, 80: 908-914.
7. Poulsen *et al.*, 2019, High-throughput screening for texturing *Lactococcus* strains, FEMS Microbiol Lett., 366(2).
8. Suzuki C. *et al.*, 2013, Novel exopolysaccharides produced by *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*, and the diversity of *epsE* genes in the exopolysaccharide biosynthesis gene clusters, Biosci Biotechnol Biochem., 77: 2013-2018.
9. Tangyu *et al.*, 2019, Fermentation of plant-based milk alternatives for improved flavour and nutritional value, Applied Microbiology and Biotechnology, 103:9263–9275.
10. van Kranenburg R. *et al.*, 1999, Functional analysis of glycosyltransferase genes from *Lactococcus lactis* and other gram-positive cocci: complementation, expression, and diversity, J Bacteriol., 181: 6347-6353.
11. Whittall J.J. *et al.*, 2015, Topology of *Streptococcus pneumoniae* CpsC, a Polysaccharide co-polymerase and BY-kinase adaptor protein, J Bacteriol 197: 120-127.
12. Agersoe Y *et al.* (2018) Antimicrobial susceptibility testing and tentative epidemiological cutoff values for five bacillus species relevant for use as animal feed additives or for plant protection, Appl Environ Microbiol, 84 (19).

ФОРМУЛА ИЗОБРЕТЕНИЯ

1. Штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способных продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит следующие нуклеотидные последовательности (a) - (c), в зависимости от конкретного случая, как определено в любом из (i) - (x):

- (i) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 11 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 17 (обозначаемой здесь как *wzx*); и
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
 - (c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 9 (обозначаемой здесь как GT1);
 - (c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 13 (обозначаемой здесь как GT2); и
 - (c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 15 (обозначаемой здесь как GT3);
- (ii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами

26029-27444 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как *wzx*); и

(с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT1);

(с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7276-8508 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT2);

(с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT3);

(с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT4); и

(с5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18528-19508 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT5);

(iii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 39 (обозначаемой здесь как *wzu*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 45 (обозначаемой здесь как *wzx*);

(с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 37 (обозначаемой здесь как GT1);

- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 41 (обозначаемой здесь как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 43 (обозначаемой здесь как GT3);
- (iv) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 163 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 169 (обозначаемой здесь как *wzx*); и
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 161 (обозначаемой здесь как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 165 (обозначаемой здесь как GT2);
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 167 (обозначаемой здесь как GT3); и
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 181 (обозначаемой здесь как GT4);
- (v) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как *wzy*);

и

- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT2);
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT3); и
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18527-19507 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT4);
- (vi) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 67 (обозначаемой здесь как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 73 (обозначаемой здесь как wzx);
- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 65 (обозначаемой здесь как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 69 (обозначаемой здесь как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 71 (обозначаемой здесь как GT3);

- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 85 (обозначаемой здесь как GT4);
- (с5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 87 (обозначаемой здесь как GT5); и
- (с6): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 89 (обозначаемой здесь как GT6);
- (vii)** (а): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5833-6927 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- и
- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4617-5123 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой здесь как GT1); и
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5120-5827 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой здесь как GT2);
- (viii)** (а): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 123 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 129 (обозначаемой здесь как *wzx*);
- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 121 (обозначаемой здесь как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 125 (обозначаемой здесь как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 127 (обозначаемой здесь как GT3);
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 143 (обозначаемой здесь как GT4);
- (с5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 145 (обозначаемой здесь как GT5); и
- (с6): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 147 (обозначаемой здесь как GT6);
- (ix)** (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11201-12349 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 15538-16953 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как wzx); и
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9726-10673 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как GT1);

- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12336-13421 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13418-14260 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как GT3);
- (x) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10707-11846 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 15037-16476 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как wxz); и
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9232-10179 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11833-12918 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12915-13757 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как GT3).

2. Штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по п. 1, где кластер генов *eps* содержит нуклеотидные последовательности (a) - (m), в зависимости от конкретного случая, как определено в любом из (i) - (x):

- (i) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 11 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 17 (обозначаемой здесь как *wzx*);
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
 - (c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 9 (обозначаемой здесь как GT1);
 - (c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 13 (обозначаемой здесь как GT2); и
 - (c3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 15 (обозначаемой здесь как GT3); и
- (d): нуклеотидная последовательность, имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 23 (обозначаемой здесь как предполагаемый белок дегидрогеназа сахаров нуклеотидов);
- (ii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами

26029-27444 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как *wzx*);

(с) по меньшей мере одна, предпочтительно две, и более предпочтительно три, еще более предпочтительно четыре и наиболее предпочтительно пять, нуклеотидная(ых) последовательность(ей), кодирующая(их) полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранная(ые) из:

(с1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT1);

(с2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7276-8508 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT2);

(с3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT3);

(с4): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT4);

(с5): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18528-19508 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как GT5);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP(дезокситимидиндифосфат)-глюкозо-4,6-дегидратазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4784-5695 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как dTDP-глюкозо-4,6-дегидратаза);

(e): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5717-6631 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как dTDP-4-дегидрорамнозоредуктаза);

(f): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразы и имеющий по меньшей

мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6586-7257 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимераза);

(g): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF1919 и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 8515-9144 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как DUF1919);

(h): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF4422 и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10271-11029 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как DUF4422); и

(i): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью UDP(уридиндифосфат)-галактопиранозомутаза и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9159-10274 SEQ ID NO: 199 (обозначаемой здесь как UDP-галактопиранозомутаза);

(iii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 39 (обозначаемой здесь как wzy);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 45 (обозначаемой здесь как wzx);

(c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 37 (обозначаемой здесь как GT1);

(c2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 41 (обозначаемой здесь как GT2); и

- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 43 (обозначаемой здесь как GT3); и
- (d): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью полисахаридпирувилтрансферазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 51 (обозначаемой здесь как белок семейства полисахаридпирувилтрансферазы);
- (iv) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 163 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 169 (обозначаемой здесь как *wzx*);
- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 161 (обозначаемой здесь как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 165 (обозначаемой здесь как GT2);
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 167 (обозначаемой здесь как GT3); и
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 181 (обозначаемой здесь как GT4); и
- (d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности,

кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 175 (обозначаемой здесь как белок ветвления Core-2/I (Core-2/I-branching protein)).

- (v) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13939-15042 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (c) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три, нуклеотидная(ые) последовательность(и), кодирующая(ие) полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранная(ые) из:
 - (c1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4174-4824 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT1);
 - (c2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11042-12391 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT2);
 - (c3): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13008-13934 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT3); и
 - (c4): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 18527-19507 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как GT4);
- (d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF1972 и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7276-8508 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как DUF1972);
- (e): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF4422 и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10271-11029 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как DUF4422);
- (f): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид DUF1919 и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 8515-9144 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как DUF1919);

- (g): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью UDP-галактопиранозомутаза и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9159-10274 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как UDP-галактопиранозомутаза);
- (h): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимеразы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6586-7257 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимераза);
- (i): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-глюкозо-4,6-дегидратазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4784-5695 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как dTDP-глюкозо-4,6-дегидратаза); и
- (j): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью dTDP-4-дегидрорамнозоредуктазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5717-6631 SEQ ID NO: 224 (обозначаемой здесь как dTDP-4-дегидрорамнозоредуктаза);
- (vi) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 67 (обозначаемой здесь как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 73 (обозначаемой здесь как wzx);
- (c) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (c1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 65 (обозначаемой здесь как GT1);

- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 69 (обозначаемой здесь как GT2); и
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 71 (обозначаемой здесь как GT3);
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 85 (обозначаемой здесь как GT4);
- (с5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 87 (обозначаемой здесь как GT5); и
- (с6): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 89 (обозначаемой здесь как GT6);
- (d): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью эпимеразы/дегидратазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 93 (обозначаемой здесь как NAD(никотинамидадениндинуклеотид)-зависимая эпимераза/дегидратаза 1);
- (е): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью дегидрогеназы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 79 (обозначаемой здесь как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов);
- (f): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью тимидилтрансферазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 95 (обозначаемой здесь как rfbA, глюкозо-1-фосфат тимидилилтрансфераза);
- (g): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью дегидратазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 97 (обозначаемой здесь как dTDP-глюкозо-4,6-дегидратаза);

- (h): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью эпимеразы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 99 (обозначаемой здесь как dTDP-4-дегидрорамнозо-3,5-эпимераза);
- (i): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью эпимеразы/дегидратазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 101 (обозначаемой здесь как белок 2 семейства NAD-зависимой эпимеразы/дегидратазы);
- (j): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью ацилтрансферазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 111 (обозначаемой здесь как ацилтрансфераза 1);
- (k): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью ацилтрансферазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 107 (обозначаемой здесь как ацилтрансфераза 2);
- (l): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью редуктазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 103 (обозначаемой здесь как dTDP-4-дегидрорамнозоредуктаза); и
- (m): нуклеотидная последовательность, обладающая активностью нуклеотидилтрансферазы и имеющая по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 105 (обозначаемой здесь как нуклеотидилтрансфераза).
- (vii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5833-6927 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой здесь как *wzy*);

- (с) по меньшей мере одна, предпочтительно две и наиболее предпочтительно три, нуклеотидная(ые) последовательность(и), кодирующая(ие) полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, выбранная(ые) из:
- (с1): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4617-5123 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой здесь как GT1); и
- (с2): нуклеотидной последовательности, имеющей по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5120-5827 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой здесь как GT2); и
- (d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью UDP-*N*-ацетилглюкозамин-LPS(липополисахарид) *N*-ацетилглюкозаминтрансферазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4168-4617 SEQ ID NO: 244 (обозначаемой здесь как UDP-*N*-ацетилглюкозамин-LPS *N*-ацетилглюкозаминтрансфераза);
- (viii) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 123 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 129 (обозначаемой здесь как *wzx*);
- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 121 (обозначаемой здесь как GT1);
- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 125 (обозначаемой здесь как GT2);

- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 127 (обозначаемой здесь как GT3);
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 143 (обозначаемой здесь как GT4);
- (с5): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 145 (обозначаемой здесь как GT5); и
- (с6): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 147 (обозначаемой здесь как GT6);
- (d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью ацетилтрансферазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 149 (обозначаемой здесь как ацетилтрансфераза);
- (e): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью дегидрогеназы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 135 (обозначаемой здесь как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов); и
- (f): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью ацилтрансферазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидной последовательностью SEQ ID NO: 151 (обозначаемой здесь как ацилтрансфераза);
- (ix) (a): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11201-12349 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как wzy);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами

15538-16953 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как *wzx*);

(с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9726-10673 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как GT1);

(с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12336-13421 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как GT2); и

(с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 13418-14260 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как GT3);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью дегидрогеназы сахаров нуклеотидов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7727-8173 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов); и

(е): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью ацетилтрансферазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10657-11211 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 257 (обозначаемой здесь как ацетилтрансфераза);

(х) (а): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10707-11846 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как *wzy*);

(b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами

15037-16476 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как *wzx*);

(с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:

(с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9232-10179 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как GT1);

(с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 11833-12918 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как GT2); и

(с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 12915-13757 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как GT3);

(d): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью дегидрогеназы сахаров нуклеотидов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 7234-7680 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как дегидрогеназа сахаров нуклеотидов); и

(е): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью ацетилтрансферазы и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 10163-10717 цепи, комплементарной SEQ ID NO: 274 (обозначаемой здесь как ацетилтрансфераза).

3. Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий по подпункту (iv), подпункту (vii), подпункту (ix) или подпункту (x) п. 1 или п. 2, где штамм текстурирующих молочнокислых бактерий представляет собой штамм, который генерирует ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 45 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренным в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл

ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C.

4. Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий по п. 3, выбранный из группы, состоящей из DSM 33137, DSM 33140, DSM 33142 или DSM 33183 и производных штаммов DSM 33137, DSM 33140, DSM 33142 или DSM 33183, где производный штамм характеризуется как обладающий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33137, DSM 33140, DSM 33142 или DSM 33183, соответственно, и где текстурирующая способность означает генерирование ферментированного молока, обладающего напряжением сдвига 45 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с⁻¹, измеренным в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с⁻¹, где температура инокуляции составляет 30°C.

5. Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий по любому из пп. 1-4, где штамм текстурирующих молочнокислых бактерий представляет собой штамм, который генерирует ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 40 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с⁻¹, в присутствии штамма молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. DSM 25485 или его мутанта или варианта и/или в присутствии штамма молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192 или его мутанта или варианта в соотношении приблизительно 9:1 (штамм текстурирующих молочнокислых бактерий : штамм DSM 25485 и/или DSM 33192), где напряжение сдвига измеряют в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до

измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C .

6. Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий по подпункту (i), подпункту (ii), подпункту (iii), подпункту (v), подпункту (vi) и/или подпункту (viii) п. 1 или п. 2, где штамм выбран из штамма DSM 33134, или DSM 33135, или DSM 33136, или DSM 33138, или DSM 33139, или DSM 33141, и производных штаммов DSM 33139, DSM 33135, DSM 33136, DSM 33138, или DSM 33139, или DSM 33141, где производный штамм характеризуется как обладающий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33134, DSM 33135, DSM 33136, DSM 33138 или DSM 33139 или DSM 33141, соответственно, и где текстурирующая способность означает генерирование ферментированного молока, обладающего напряжением сдвига 40 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с^{-1} , в присутствии штамма молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485 или его мутанта или варианта и/или в присутствии штамма молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192, или его мутанта или варианта, в соотношении приблизительно 9:1 (штамм текстурирующих молочнокислых бактерий : штамм DSM 25485 и/или DSM 33192), где напряжение сдвига измеряют в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штаммов молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига, обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C .

7. Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий по п. 1 или п. 2, где штамм текстурирующих молочнокислых бактерий представляет собой штамм, который генерирует ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига более 24 Па, измеренным при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренным в следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы, как описано в Примере 2, инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,56 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток,

например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , как описано в Примере 2, где температура инокуляции составляет 30°C .

8. Штамм текстурирующих молочнокислых бактерий по п. 7, представляющий собой штамм, выбранный из штамма DSM 33138, DSM 33140, DSM 33136, DSM 33135, DSM 33141, DSM 33137, DSM 33134, DSM 33139, DSM 33142, DSM 33192, DSM 25485 или DSM 33183 и штаммов производных от DSM 33138, DSM 33140, DSM 33136, DSM 33135, DSM 33141, DSM 33137, DSM 33134, DSM 33139, DSM 33142, DSM 33192, DSM 25485 или DSM 33183, где производный штамм характеризуется как обладающий по меньшей мере такой же текстурирующей способностью, как DSM 33138, DSM 33140, DSM 33136, DSM 33135, DSM 33141, DSM 33137, DSM 33134, DSM 33139, DSM 33142, DSM 33192, DSM 25485 или DSM 33183, соответственно, и где текстурирующая способность означает генерирование ферментированного молока, обладающего напряжением сдвига более 24 Па, измеренным при скорости сдвига 300 с^{-1} , где напряжение сдвига измеряют в следующих условиях:

200 мл соевого молока с добавлением 2% глюкозы, как описано в Примере 2, инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,56 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , как описано в Примере 2, где температура инокуляции составляет 30°C .

9. Композиция, содержащая штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по любому из пп. 1-6 и один или более дополнительных штаммов молочнокислых бактерий, где один или более дополнительных штаммов молочнокислых бактерий способен(ны):

i) генерировать ферментированное молоко с pH приблизительно 4,55 за 15 ч или менее, предпочтительно за 12 ч или менее, измеренным в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции (30°C), и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения значения pH приблизительно 4,55; и

ii) генерировать ферментированное молоко, обладающее напряжением сдвига 40 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренным в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55, время достижения pH 4,55) с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига, обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C .

10. Композиция по п. 9, содержащая штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по любому из пп. 1- 6 и (а) по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* содержит нуклеотидную последовательность, как определено в (а), (b) и (с), как определено в (xi), или (б) по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, содержащий активный кластер генов *eps*, способный продуцировать экзополисахарид (EPS), где кластер генов *eps* является таким, как определено в (xii):

- (xi) (а): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий полимеразной активностью и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6955-8145 SEQ ID NO: 183 (обозначаемой здесь как *wzy*);
- (b): нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий активностью переносчика полисахаридов и имеющий по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 9309-10727 SEQ ID NO: 183 (обозначаемой здесь как *wzx*); и
- (с) нуклеотидная последовательность, кодирующая полипептид, обладающий гликозилтрансферазной (GT) активностью, содержащая:
- (с1): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4008-4478 SEQ ID NO: 183 (обозначаемой здесь как GT1);

- (с2): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 4478-4960 SEQ ID NO: 183 (обозначаемой здесь как GT2);
- (с3): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 5015-5965 SEQ ID NO: 183 (обозначаемой здесь как GT3); и
- (с4): нуклеотидную последовательность, имеющую по меньшей мере 95% идентичности аминокислотной последовательности, кодируемой нуклеотидами 6026-6955 SEQ ID NO: 183 (обозначаемой здесь как GT4);
- (xii) SEQ ID NO: 290.

11. Композиция по любому из пп. 9-10, содержащая штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* по любому из пп. 1-6 и:

- (i) штамм LAB (молочнокислых бактерий) *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485 или его мутант или вариант;
- (ii) штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192 или его мутант или вариант; и/или
- (iii) штамм молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis* DSM 33133 или его мутант или вариант.

12. Применение штамма молочнокислых бактерий, определенного в любом из пп. 1-8, или композиции, определенной в любом из пп. 9-11, для повышения вязкости ферментированного молочного продукта.

13. Способ получения пищевого продукта, включающий по меньшей мере одну стадию, на которой используют по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий, определенный в любом из пп. 1-8, или композицию, определенную в любом из пп. 9-11.

14. Способ по п.13, где пищевой продукт представляет собой молочный продукт и способ включает ферментирование молочного субстрата по меньшей мере одним штаммом молочнокислых бактерий, определенным в любом из пп. 1-8, и/или композицией, определенной в любом из пп. 9-11.

15. Пищевой продукт, содержащий по меньшей мере один штамм молочнокислых бактерий, определенный в любом из пп. 1-8, или композицию, определенную в любом из пп. 9-11.

16. Применение штамма *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485 и/или штамма *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192 для повышения вязкости

ферментированного молочного продукта, такого как ферментированный молочный продукт на основе молока млекопитающих или ферментированный молочный продукт на основе растительного молока.

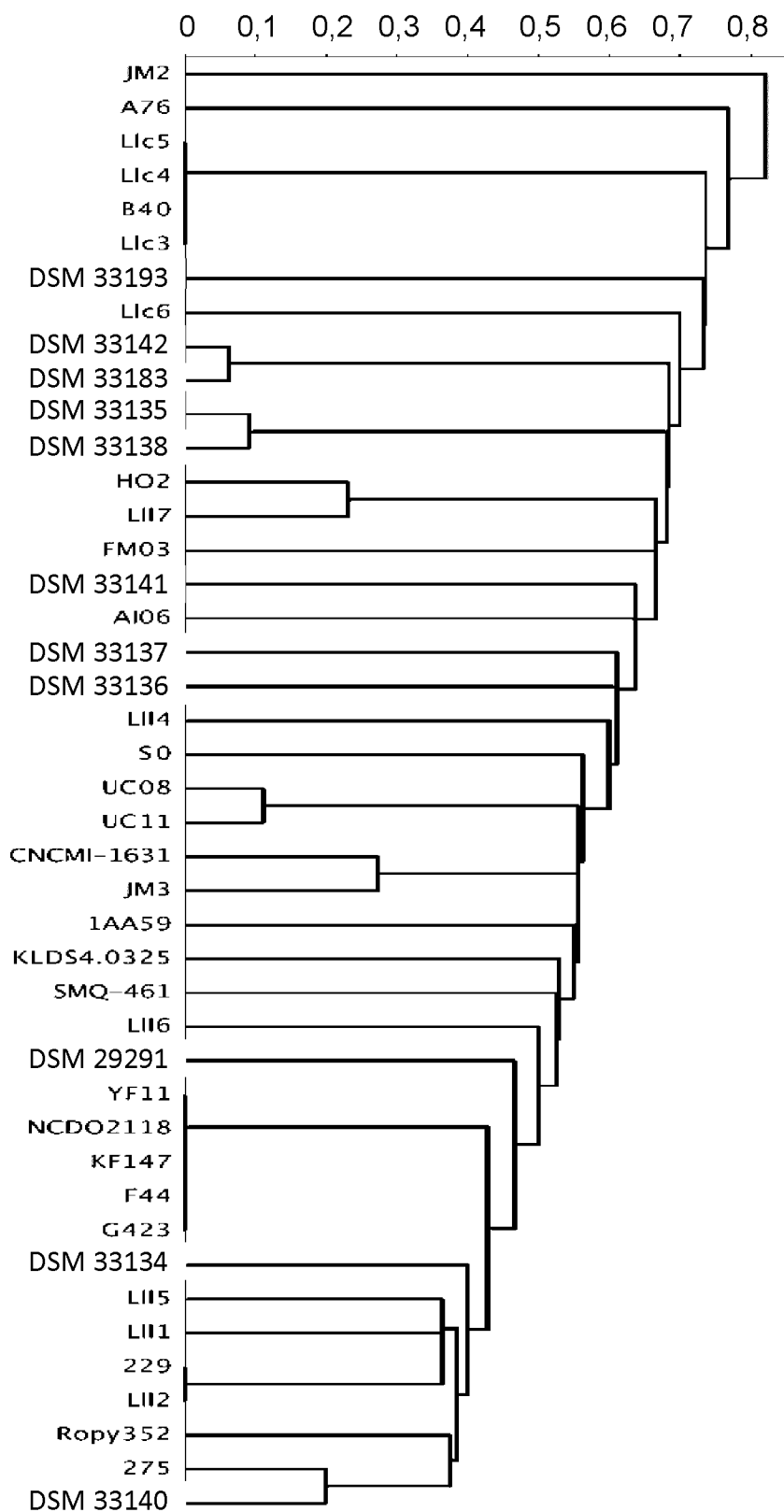
17. Применение по п. 16, где ферментированный молочный продукт обладает напряжением сдвига 50 Па или более, предпочтительно 55 Па или более, измеренным при скорости сдвига 300 с^{-1} , измеренным в следующих условиях:

200 мл молока средней жирности (1,5% жира) нагревают до 90°C в течение 20 мин с последующим охлаждением до температуры инокуляции, и инокулируют 2 мл ночной культуры штамма молочнокислых бактерий, и оставляют при температуре инокуляции до достижения pH 4,55 с последующим хранением при 4°C до измерения напряжения сдвига, обычно от 1 до 7 суток, например в течение 5 суток, с последующим осторожным перемешиванием и измерением напряжения сдвига при скорости сдвига 300 с^{-1} , где температура инокуляции составляет 30°C .

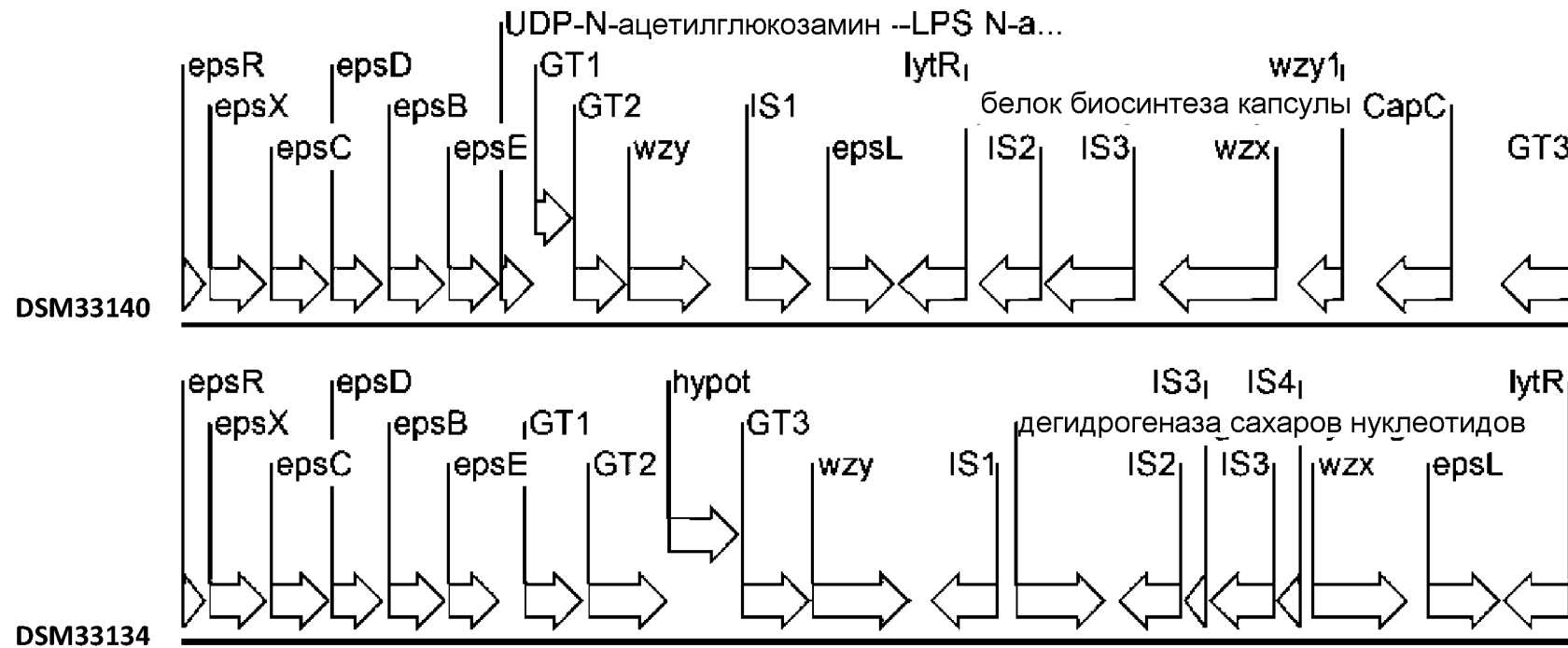
18. Применение по любому из пп. 16-17, где (i) штамм *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* DSM 25485 и/или (ii) штамм *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192 используют в комбинации с по меньшей мере одним из штаммов молочнокислых бактерий *Lactococcus lactis*, определенным в любом из пп. 1-6.

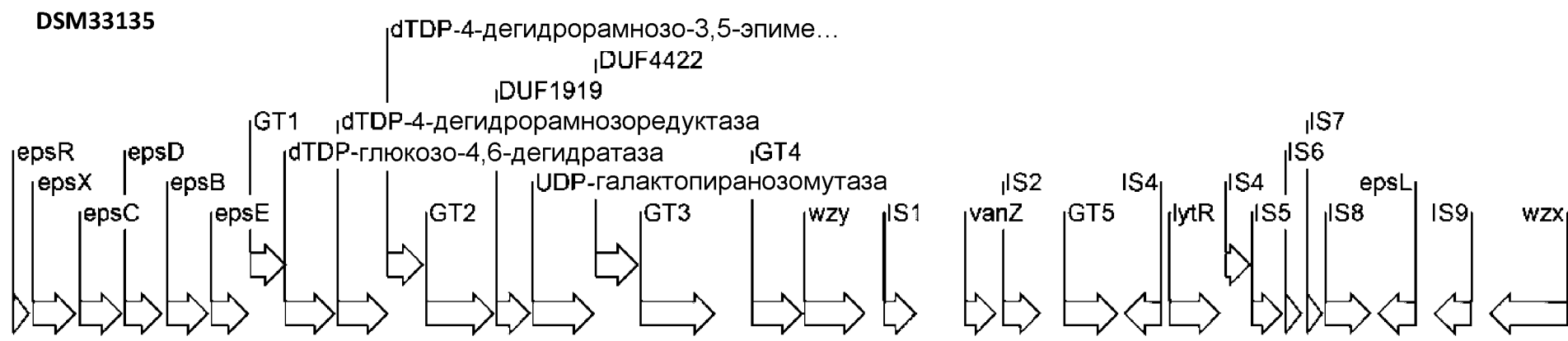
19. Штамм *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* DSM 33192.

Фиг. 1

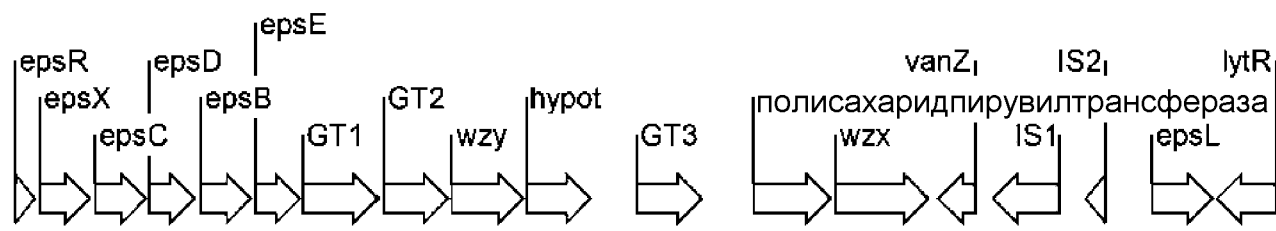


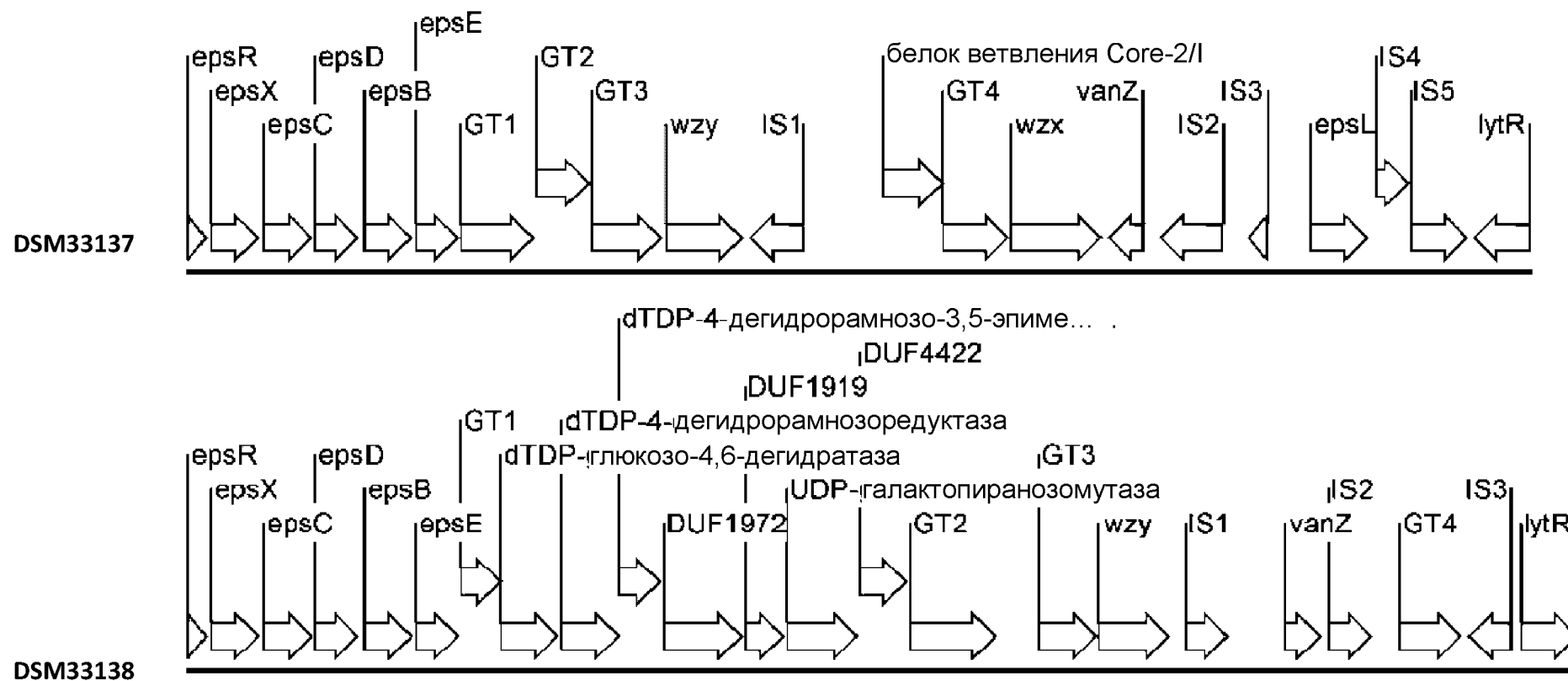
Фиг. 2



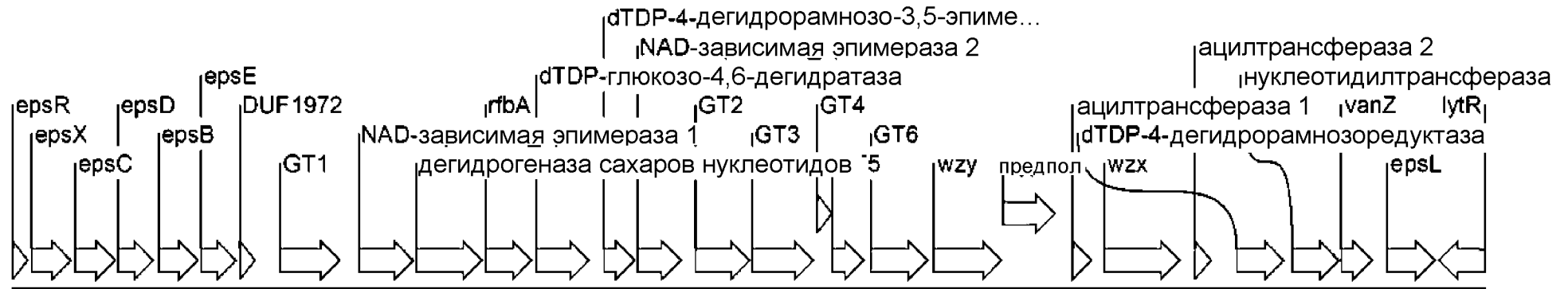


DSM33136

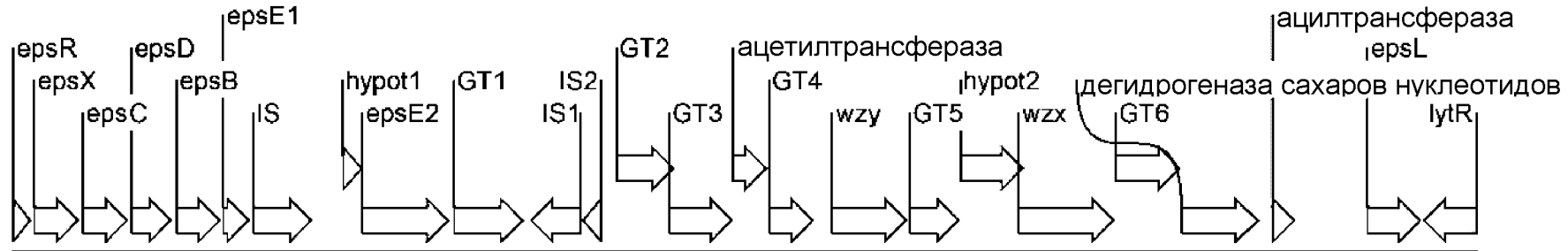




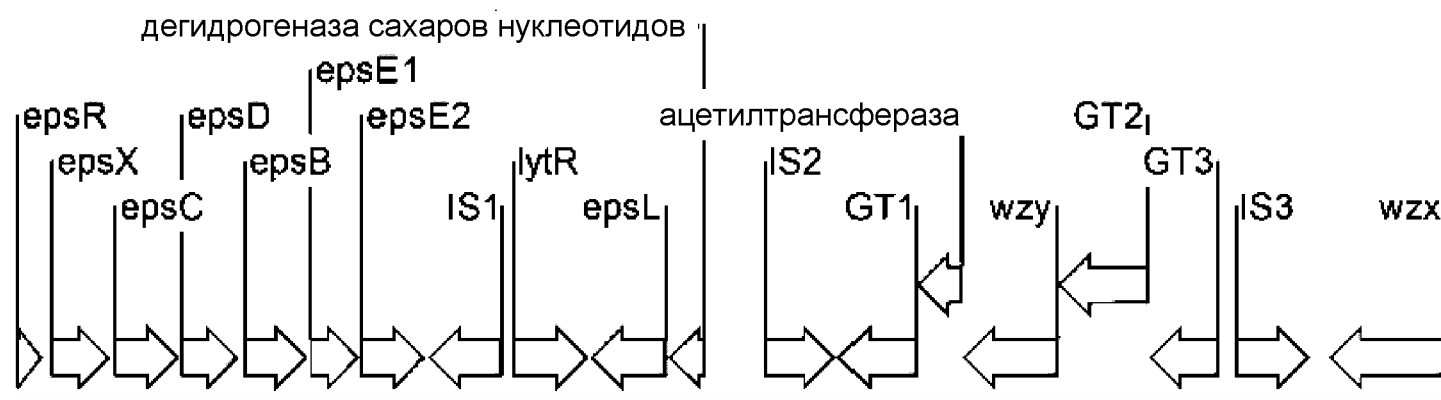
DSM33139



DSM33141



DSM33142



DSM33183

