

De Onderzoeksgroep

## Industriële Microbiologie en Voedingsbiotechnologie (IMDO)

nodigt U graag uit op de openbare verdediging van het proefschrift van

### MSc. Marko Verce

ter behaling van de graad van Doctor in de Bio-ingenieurswetenschappen

Titel van het proefschrift:

### Omics-benaderingen ter ontrafeling van gefermenteerde levensmiddelenecosystemen

Promotor:

Prof. Dr. Stefan WECKX

De verdediging heeft plaats op  
**maandag 13 juli 2020 om 17 h**

Omwille van de COVID-19-maatregelen is de capaciteit om de verdediging bij te wonen op de Campus Humanities, Sciences and Engineering van de Vrije Universiteit Brussel, Pleinlaan 2, 1050 Elsene, beperkt. De verdediging kan ook via een livestream gevolgd worden. Contacteer [stefan.weckx@vub.be](mailto:stefan.weckx@vub.be) voor meer informatie.

#### Samenstelling van de jury

Prof. Dr. ir. Geert ANGENON (VUB, voorzitter)  
Prof. Dr. Joske RUYTINX (VUB, secretaris)  
Prof. Dr. Sonia VAN DOOREN (VUB)  
Prof. Dr. Peter VANDAMME (Universiteit Gent)  
Prof. Dr. Danilo ERCOLINI (Università degli Studi di Napoli Federico II, Italië)  
Prof. Dr. Stefan WECKX (VUB, promotor)

#### Curriculum vitae

Marko Verce werd geboren op 9 mei 1989 te Mostar (Bosnië en Herzegovina). Hij behaalde zijn *BSc. in Biotechnology* aan de *Univerza v Ljubljani*, Slovenië, in 2010 en zijn *MSc. in Biotechnology* in 2013 aan dezelfde universiteit. In maart 2014 startte hij zijn doctoraatsonderzoek aan de onderzoeksgroep Industriële Microbiologie en Voedingsbiotechnologie (IMDO) van de Vrije Universiteit Brussel, onder de supervisie van Prof. Dr. Stefan Weckx en Prof. Dr. ir. Luc De Vuyst, eerst met de financiële steun van de Vrije Universiteit Brussel en vanaf oktober 2015 als Aspirant fundamenteel onderzoek van het FWO-Vlaanderen. Marko Verce is co-auteur van negen artikels gepubliceerd in *peer-reviewed* internationale tijdschriften en één *genome announcement*. Van zes van deze is hij eerste auteur. Tijdens zijn doctoraatsonderzoek participeerde hij aan één veldexperiment in Noord-Argentinië en drie veldexperimenten in Costa Rica. Hij gaf in totaal vijf voordrachten op nationale en internationale congressen en symposia.

#### Abstract van het doctoraatsonderzoek

Levensmiddelenfermentatieprocessen zijn een interessant voorbeeld van microbiële ecosystemen. Metagenomica en metatranscriptomica zijn cultuuronafhankelijke onderzoeksmethoden om microbiële ecosystemen te bestuderen gebaseerd op hoge-doorvoer sequentie-analyse van respectievelijk DNA en RNA. In deze doctoraatsstudie werden omica-methoden gebruikt om de microbiële diversiteit van levensmiddelenfermentatieprocessen van verschillende complexiteit te onderzoeken om zo inzicht te krijgen in de mogelijke rollen van de aanwezige micro-organismen, om toe te laten onze kennis over levensmiddelenfermentatie-ecosystemen uit te breiden.

Het complete genoom van een kandidaat-zuurdesemstartercultuurstem, *Lactobacillus fermentum* IMDO 130101, werd gesequeneerd en geannoteerd. Een soortwijde comparatieve genomica-analyse belichtte de potentiële zuurdesemfermentatie-relevante karakteristieken van deze melkzuurbacteriesoort, wat de verdere studie van potentiële zuurdesemstartercultuurstemmen toelaat.

Een metagenomica-analyse van twee kaaspekels, afkomstig van commerciële kaasproducenten in Vlaanderen, bracht aan het licht dat een grote microbiële groep uit halofiele en halotolerante soorten bestond en dat een kleine microbiële groep bestond uit kaasingrediënten-geassocieerde micro-organismen. De eerstgenoemde groep micro-organismen groeit waarschijnlijk in deze extreme omgevingen en de kennis opgedaan in deze studie kan gebruikt worden om de impact op de kaaskwaliteit te onderzoeken.

Een metagenomica-analyse van een waterkefirfermentatieproces toonde een beperkte microbiële diversiteit aan en de reconstructie van een metagenoom-gesamleerd genoom leidde tot de ontdekking van een nieuwe *Oenococcus*-soort. De koppeling van metabole functies aan microbiële soorten wees op *cross-feeding*.

Tenslotte, de toepassing van omica-methoden en gerichte metabolietanalyse op cacaoonfermentatieprocessen in Costa Rica bracht de aanwezigheid van microbiële soorten van 82 genera aan het licht, samen met een microbiële diversiteit die daalde naarmate het fermentatieproces vorderde. De gisten, melkzuurbacteriën en azijnzuurbacteriën typerend voor cacaoonfermentatieprocessen werden ook in deze fermentatieprocessen teruggevonden en gekoppeld met bepaalde metabole activiteiten, waarvan enkele niet eerder gerapporteerd werden. Zo werd een mogelijke complementaire rol van verschillende micro-organismen in het geval van pectineafbraak gevonden.

Deze doctoraatsstudie toonde een waaier aan mogelijkheden aan hoe omica-gegevens geanalyseerd kunnen worden met het oog op de microbiële samenstelling en op het functioneel potentieel van een levensmiddelenfermentatie-ecosysteem, wat resulteerde in de ontdekking van micro-organismen en functionele eigenschappen die nog niet eerder werden onthuld wanneer meer conventionele methoden gebruikt werden.