

### TIPIFICACIÓN DE CEPAS DE *Streptococcus* y de *Enterococcus* AISLADAS DEL POZOL

Luis Antonio Becerril<sup>1</sup>, Teresita Sainz<sup>2</sup>, Ma. Teresa Flores<sup>1</sup>, Gloria Díaz Ruiz<sup>1</sup>, Carmen Wachter<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Depto de Alimentos y Biotecnología, Facultad de Química, UNAM, CP 04510, Tel y fax: 5622-5315. [wachter@servidor.unam.mx](mailto:wachter@servidor.unam.mx). <sup>2</sup>Depto de Sistemas Biológicos, UAM Xochimilco.

Palabras clave: pozol, bacterias lácticas, tipificación

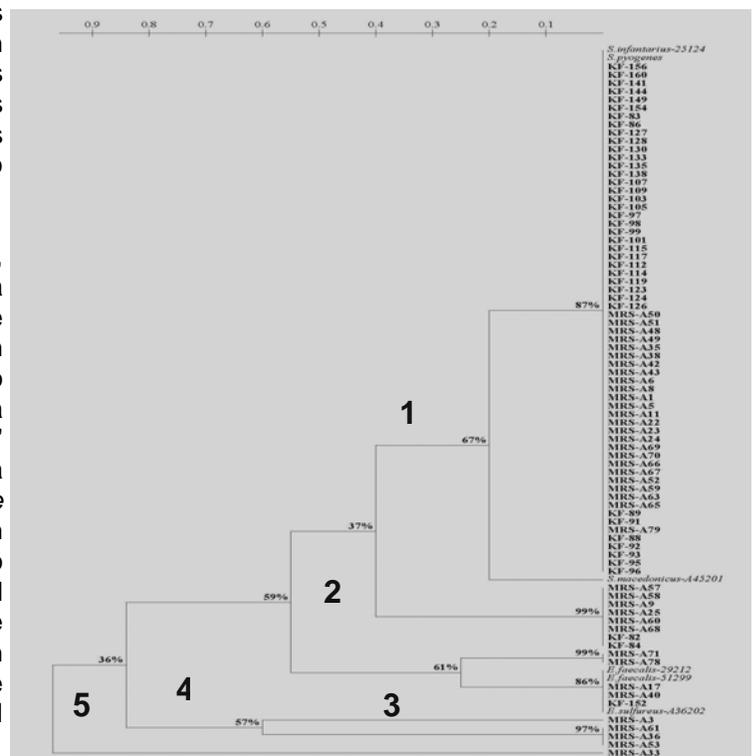
**Introducción.** En el pozol (bebida indígena que se prepara a partir de masa de maíznixtamalizado fermentada) predominan las bacterias de los géneros *Streptococcus* y *Enterococcus* (1). Su participación en otras fermentaciones es importante; sin embargo algunas cepas son patógenas oportunistas. Se detectaron estas bacterias en el pozol mediante estudios independientes del cultivo (PCR-DGGE), por lo que ahora es necesario aislarlas para caracterizarlas.

**Metodología.** Se aislaron de un pozol de Villahermosa, Tabasco, cepas de los medios MRS-almidón y KF. Para agruparlas y tipificarlas se usó el método ARDRA: Se extrajo el DNA de cada cepa (2), se amplificó el gen ribosomal 16S mediante una reacción de PCR usando cebadores universales para bacteria (5'AAGGAGGTGATCCAGCCGCA3' y 5'AGAGTTTGATCCTGGCTCAG3'); el producto de la amplificación se digirió con 2 enzimas de restricción (*Hae III* y *Hinf I*) por separado. En el análisis se incluyeron cepas del pozol previamente identificadas, así como cepas de origen clínico. Con los perfiles de bandas del ARDRA se construyó una matriz (para cada enzima) y se analizó usando el programa Treecon v. 1.2. Se estimaron las distancias por medio del índice de similitud de Jaccard y para la construcción del dendrograma se usó el UPGMA.

**Resultados y discusión.** Con *Hae III* se obtuvieron 5 grupos principales (Figura 1): Uno que incluye la mayoría de las cepas, agrupado con *S. infantarius*, *S. pyogenes* y *S. macedonicus*,(1); otro (3) en el que se agruparon las cepas de *Enterococcus* y los grupos 2, 4 y 5, con los que no se agruparon cepas identificadas. Con *Hinf I* se obtuvieron resultados similares.

**Conclusiones.** De acuerdo con el ARDRA los aislados se agruparon según su género: *Streptococcus* y *Enterococcus*, predominando los primeros. Será necesario identificar una cepa de cada uno de los grupos en los que no se agruparon. Para detectar si se detecta correlación con la patogenicidad se realizarán patrones de PFGE (electroforesis con campos pulsados). necesario identificar una cepa de cada uno de los grupos en los que no se agruparon. Para estudiar si se detecta

correlación con la patogenicidad se realizarán patrones de PFGE (electroforesis con campos pulsados).



**Figura 1.** Análisis de ARDRA de los fragmentos de restricción del gen ribosomal 16S, con la enzima *Hae III*. Se calcularon distancias con el índice de similitud de Jaccard y se construyó el dendrograma mediante el agrupamiento por UPGMA.

#### Referencias.

- Díaz-Ruiz G., Guyot J. P., Ruiz-Terán F., Morlon J., y Wachter C. 2003. Microbial and physiological characterization of weakly amyolytic but fast-growing lactic acid bacteria: a functional role in supporting microbial diversity in pozol, a Mexican fermented maize beverage. *Appl. Environ. Microbiol.* 69(8): 4367-4374.
- Lawson, P.A., Llop, P.P., Huston, R.A., Hippe, H., Collins, M.D. (1993). Towards a phylogeny based on 16S rRNA sequences. *FEMS Microbiol. Lett.*, 113(1): 87-92.