



APROXIMACIÓN AL ESTUDIO DE LA FUENTE DE NITROGENO UTILIZADA DURANTE LA FERMENTACION DEL POZOL

Jocelin Rizo, Catalina Cárdenas, Carmen Wachter, Gloria Díaz y Romina Rodríguez-Sanoja.
Departamento de Biología Molecular y Biotecnología. Instituto de Investigaciones Biomédicas, UNAM. Ciudad Universitaria, C.P. 04519, Apto. Postal 70228, México, D.F. e-mail: romina@biomedicas.unam.mx, marari_qa@hotmail.com.

Palabras clave: alimentos fermentados, metaproteómica, fuente de nitrógeno

Introducción. Los alimentos tradicionales fermentados se caracterizan por tener una microbiota compleja y diversa, cuyo estudio por métodos convencionales se ve limitado porque más del 90% de los microorganismos no pueden ser cultivados; bien sea por que las condiciones de cultivo en el laboratorio no son las adecuadas o porque su crecimiento, depende de la interacción con otros microorganismos (1). Debido a estas limitantes, se hace necesario el uso de nuevas herramientas, para el análisis de todo el conjunto de microorganismos presentes en los alimentos. En el caso del pozol, una bebida fermentada a base de maíz nixtamalizado, la metaproteómica ha sido aplicada con éxito para analizar las proteínas de los microorganismos predominantes a los 15 días de fermentación. Se encontró que las proteínas predominantes son las relacionadas al metabolismo de carbohidratos y producción de energía (2). Sin embargo, poco se conoce de otros elementos necesarios al crecimiento microbiano como el nitrógeno. Así el objetivo de este trabajo es identificar dentro del metaproteoma del pozol las proteínas que pueden intervenir en la utilización de este elemento.

Metodología. El seguimiento de la fermentación del pozol se hizo por 2 semanas, se tomaron muestras a 0, 24, 72 y 360 h para la extracción de proteínas. Los extractos proteicos se analizaron en geles SDS-PAGE, y se cortaron en 18 piezas para su secuenciación por LC-MS/MS (2). Los péptidos fueron analizados en Mascot y X! Tandem, identificados utilizando el programa Scaffold, con una probabilidad de identificación del 99% en la base de datos de Uniprot.

Resultados. El análisis del metaproteoma del pozol a los diferentes tiempos de fermentación dio como resultado un total de 985 proteínas de bacterias y 996 proteínas de hongos, las cuales incluyen un importante número de proteínas de microorganismos que no han sido descritos en el sistema. En bacterias la mayoría de las proteínas pertenecen al grupo de las bacterias ácido lácticas, principalmente del género *Streptococcus* durante las primeras horas de fermentación y *Lactobacillus* al final de la fermentación. Resultados que coinciden con los análisis de la microbiota por métodos microbiológicos y que reportan que las bacterias ácido lácticas *Streptococcus*, *Lactococcus* y *Leuconostoc* parecen ser dominantes en las primeras etapas de fermentación (12

horas), mientras que el género *Lactobacillus* predomina a los 5 días (3). En el caso de los hongos, las proteínas mayoritarias pertenecen a los géneros *Saccharomyces*, *Schizosaccharomyces* y *Aspergillus*.

Las proteínas involucradas en el metabolismo de nitrógeno fueron categorizadas de acuerdo a términos de Ontología Génica (OG) en seis grupos generales: (i) Biosíntesis de aminoácidos, (ii) Degradación de aminoácidos, (iii) Transporte de aminoácidos, péptidos y amoníaco, (iv) Procesamiento de proteínas (proteasas), (v) Metabolismo de nitrógeno y (vi) Fijación de nitrógeno. La mayoría de las proteínas identificadas a los diferentes tiempos de fermentación son proteasas relacionadas con el reciclaje de péptidos seguidas en abundancia por las proteínas involucradas en la biosíntesis, degradación y transporte de aminoácidos. Estos resultados fueron constantes en los diferentes tiempos de fermentación. Finalmente, se encontraron proteínas que son necesarias para la fijación de nitrógeno atmosférico a las 72 y 360 horas. Estudios realizados en los 70's habían reportado un aumento en el contenido de nitrógeno y la presencia de una bacteria fijadora de nitrógeno (*Agrobacterium azotophilum*) (4).

Conclusiones. Los resultados muestran que la fuente de nitrógeno que permite el crecimiento de los microorganismos durante la fermentación del pozol está dada por la re-utilización de proteínas y por el aprovechamiento de nitrógeno atmosférico. Sin embargo, cuando la fermentación se deja por más de 3 días es posible que en la masa haya fijación de nitrógeno, la demostración de este fenómeno se encuentra actualmente en estudio.

Agradecimiento. Al Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM. A CONACYT por la beca de maestría 480538 y por el apoyo de CONACYT 49687-Z y DGAPA-UNAM IN218714 para el desarrollo de este proyecto.

Bibliografía.

1. Díaz R. y Wachter C. (2003). *Rev. Latinoam. Microbiol.* Vol. (45): 30-40.
2. Cárdenas C., Barkla B., Wachter, C., Delgado-Olivares L. and Rodríguez-Sanoja R. (2014). *J. Proteomics.* Vol (111): 139-147.
3. Ampe F., Ben O. and Guyot J. (1999). *J Appl Microbiol.* Vol. (87): 131-140.
4. Ulloa M, Herrera T. and De la Lanza G. (1971). *Rev. Lat-amer. Microbiol.* Vol. (13): 113-121.