



## Aproximación Proteómica a las Etapas Iniciales de Fermentación del Pozol

Cynthia Leyva-Arguelles, Carmen Wachter, Rosario Vera, Romina Rodríguez-Sanoja.  
Instituto de Investigaciones Biomédicas, Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, UNAM.  
Ciudad Universitaria, C.P. 04519, Apto. Postal 70228, México, D.F.  
e-mail: cynthia\_leyva@live.com, romina@biomedicas.unam.mx

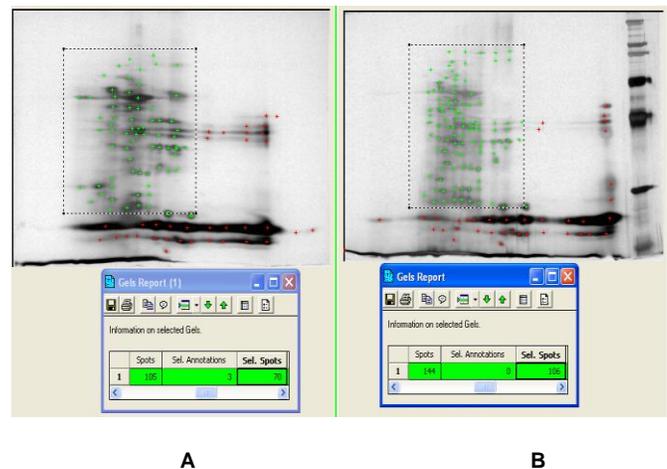
*Palabras clave: fermentación, pozol, proteómica.*

**Introducción.** El pozol es una bebida de origen maya, preparada a base de masa de maíz nixtamalizado y posteriormente fermentado. Esta fermentación es llevada a cabo por una microbiota muy diversa, compuesta de mohos, levaduras y bacterias (más de 40 diferentes especies identificadas con abundancias del orden de  $10^{10}$  UFC/g de pozol) (1). Durante el proceso de elaboración del pozol se pierden numerosos carbohidratos solubles, por lo que la única fuente de carbono fermentable que se encuentra presente en esta bebida es el almidón por lo que evidentemente se pensó que este polisacárido era la fuente de carbono utilizada. Sin embargo, los estudios microbiológicos encaminados a encontrar la actividad amilolítica en bacterias, hongos y levaduras son muy escasos, y los que se han llevado a cabo en bacterias lácticas se han centrado en las que pueden ser cultivadas en condiciones de laboratorio, mostrando que éstas son débilmente amilolíticas (2). Para explicar como un contenido tan bajo de azúcares libres y una actividad amilolítica casi inexistente puede sostener una microbiota tan diversa y abundante se decidió realizar el análisis de las proteínas involucradas en el metabolismo de carbohidratos de los microorganismos presentes en esta fermentación. No obstante, la extracción de las proteínas sigue siendo un paso restrictivo en el estudio proteómico, debido principalmente a la complejidad de la muestra. Por todo lo anterior, el objetivo de este trabajo es obtener un método de extracción de proteínas adecuado para el análisis proteómico de las etapas iniciales de fermentación del pozol.

**Metodología.** Se siguió la fermentación durante las primeras 48 horas y se eligieron los tiempos de 0, 9, 24 y 48 horas para el análisis. Se realizó la extracción de las proteínas por dos métodos: A) Extracción directa desde la masa (3), y B) Extracción de células y proteínas solubles (este trabajo). La comparación entre los métodos se realizó en geles en dos dimensiones teñidos con plata coloidal. Los triplicados se analizaron con el programa Image Master 2D Platinum Software, versión 5.0.

**Resultados.** Al comparar los geles se observó que con el método B se obtienen 34% más spots que con el método A, lo que indica una extracción más eficiente de proteínas con el método B. En la Figura 1 se muestran los geles obtenidos de la extracción de proteínas en una muestra con 9 horas de fermentación. Al analizar las regiones

centrales de los geles en donde se observan las mayores diferencias en el número de spots, se contabilizaron 70 spots para A y 106 para B. Con el método A se obtiene una concentración mayor de proteína total pero esta se limita a las proteínas más abundantes de la masa (las del maíz) disminuyendo la eficiencia de extracción de los microorganismos fermentadores. Con el método B la obtención previa de las células permite una mejor extracción de proteínas menos abundantes al eliminar componentes de la muestra que pueden interferir con la determinación.



**Fig. 1.** Comparación del conteo de spots mediante el programa Image Master 2D en los geles obtenidos con los diferentes métodos. A) Extracción directa B) Extracción de células

**Conclusiones.** Se desarrolló un método de extracción más eficiente para la extracción de proteínas del pozol, lo cual se demuestra al obtener una mayor cantidad en el conteo de spots en los geles 2D.

**Agradecimientos.** Al Posgrado en Ciencias Bioquímicas, UNAM. A CONACYT por la beca de maestría 488522 y por el apoyo 131615; a PAPIIT por el apoyo IN218714 para el desarrollo de este proyecto.

### Bibliografía.

1. Wachter C., Cañas A., Cook P. E., Barzana E., Owens J. D. (1993). *World J. Microbiol. Biotechnol.* 9: 269-274
2. Díaz-Ruiz G., Guyot J., Ruiz-Teran F., Morlon-Guyot J.P., Wachter C. (2003) *Appl Environ Microbiol.* 69: 4367-4374
3. Cárdenas C., Barkla B., Wachter, C., Delgado-Olivares L., Rodríguez-Sanoja R. (2014). *J. Proteomics.* 111: 139-147.