



Estudio de la modificación de la microbiota superficial de mango 'ataulfo' después de aplicar el tratamiento postcosecha con UV-C.

Guadalupe Ramírez, Carmen Wachter, Andrea Trejo, Carlos Eslava, Montserrat Calderón.

*Departamento de Alimentos y Biotecnología, Facultad de Química, UNAM, 04510 México, DF.

grvillatoro@yahoo.com.mx

Palabras Clave: PCR-DGGE, Mango, Comunidades bacterianas.

Introducción. México es uno de los principales productores de mango y actualmente es el primer exportador a nivel mundial, algunos productos vegetales mexicanos se han visto involucrados en brotes de enfermedades transmitidos por alimentos en Estados Unidos, con lo que se pone en peligro este mercado. Como requisito para la exportación de mango a EE.UU. se aplica el tratamiento hidrotérmico y se ha demostrado que este puede ser la fuente de contaminación con algunos patógenos como *Salmonella* (Penteado *et al.*, 2004). Por lo que surge la necesidad de implementar nuevos tratamientos dentro de los cuales el tratamiento con UV-C parece ser una alternativa. Por otro lado está demostrado que existe un equilibrio entre los microorganismos que se desarrollan en la superficie de los frutos, que en condiciones naturales se encuentran en equilibrio dinámico y la disminución de la microbiota de competencia debido a prácticas postcosecha, puede favorecer el desarrollo de patógenos (Rollán *et al.* 1998).

El objetivo del trabajo es establecer bases para prevenir la infestación de patógenos para humanos en el mango y poder garantizar la inocuidad de este.

Metodología. Se utilizó mangos de la variedad 'ataulfo' que se encontraban en el estadio preclimaterico, provenientes del estado de Nayarit. Fue aplicado el tratamiento postcosecha con UV-C (20 min. a 254nm), posteriormente se recuperó de la superficie de los mangos los microorganismos con agua estéril y filtrando a través de una membrana de 0.45 µm, a partir de esta membrana fue extraído el ADN utilizando lisis enzimática seguida de extracción con fenol cloroformo y precipitación con etanol. La región V3 del gen 16S rRNA fue amplificada por PCR utilizando los cebadores Agc338F y B518R para bacteria (Ampe *et al.*, 1999) los fragmentos amplificados fueron separados por DGGE utilizando el método descrito por Muyzer *et al.* 1993.

Resultados y discusión.

Como se muestra en la figura 1, los patrones de bandas resultaron ser muy complejos, la diversidad microbiana de la superficie de los mangos no difiere en gran medida entre los mangos que recibieron tratamiento y los que no. También se observan bandas que siempre aparecen y se presentan con mayor intensidad, dichas bandas indican las especies predominantes en la superficie del fruto, otra observación importante es que las réplicas que recibieron el mismo tratamiento presentan un patrón similar, lo que pudiera indicar que probablemente siempre están presentes las mismas especies en la superficie del mango.

La identificación de las bandas se está llevando a cabo por secuenciación.

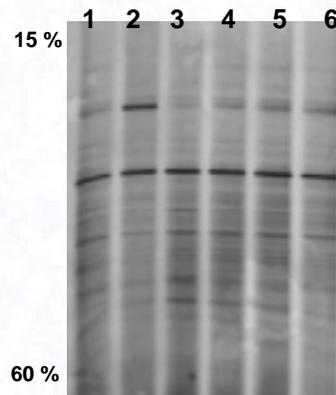


Fig. 1. Patrón de bandas de muestras de mangos con y sin tratamiento con UV-C. Patrón de bandas de muestras de mangos con y sin tratamientos con UV-C. Carril 1-3: mangos sin tratamiento, Carril 4-6: mangos con tratamiento. Gradiente utilizado: 15% - 60%. Condiciones de electroforesis: 85 V, 17 h., 65° C.

Conclusiones. A pesar de que la modificación en la diversidad microbiana no es evidente no se podría concluir que el tratamiento no tiene efecto sobre esta ya que el método utilizado no permite evaluar si las bacterias se encuentran viables o no.

Bibliografía.

1. Ampe, F. Ben Omar, N. Moizan, C. Wachter, C. Guyot J.P. (1999). Polyphasic study of the spatial distribution of microorganisms in Mexican pozol, fermented maize dough, demonstrates the need for cultivation-independent methods to investigate traditional fermentations. *Applied and Environmental Microbiology*, 65: 5464-5473.
2. Muyzer, G. De Waal, E.C. Uitterlinden, A.G. (1993). Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology*, 59: 695-700.
3. Penteado, A.L., Shawn-Eblen, B. y Miller, A.J. (2004). Evidence of *Salmonella* internalization into fresh mangoes during simulated postharvest insect disinfection procedures. *J. food protec.*, 67(1): 181-184.
4. Rollán, M., Mónaco, C. Lampugnani, G. y Arteta, N. 1998. Variación de la población de hongos antagonistas de *Sclerotinia sclerotiorum* en el suelo por la aplicación de agroquímicos, *Primer congreso argentino de control biológico de enfermedades de plantas. Acta de resúmenes.* Universidad de Buenos Aires, Secretaría de Agricultura, Ganadería y pesca. Buenos Aires, Argentina, 27-29.