

## ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA Y DINÁMICA DE LAS POBLACIONES DURANTE EL PROCESO DE FERMENTACIÓN DEL PULQUE.

Fernando Astudillo-Melgar, Georgina Hernández-Chávez, María Elena Rodríguez-Alegría, Francisco Bolívar, Adelfo Escalante. Departamento de Ingeniería Celular y Biocatálisis, Instituto de Biotecnología, UNAM. Av. Universidad 2001. Col Chamilpa CP 62210.  
[adelfo.escalante@ibt.unam.mx](mailto:adelfo.escalante@ibt.unam.mx).

*Palabras clave: Pulque, agave, microbioma.*

**Introducción.** El Pulque es una bebida tradicional mexicana elaborada a partir de la savia extraída de diferentes especies de *Agave*. Estudios previos sobre la diversidad microbiana asociada a esta bebida aplicaron diferentes estrategias experimentales, metodologías dependientes e independientes del cultivo (1). Estudios ómicos han ampliado el conocimiento de los microorganismos asociados al pulque, describiendo nuevas especies de bacterias, hongos e incluso virus (2,3).

Este estudio brinda información relevante sobre los posibles microorganismos responsables (núcleo microbiano) de la fermentación del pulque, demostrando que el core microbiano se conserva a lo largo del proceso de elaboración, desde el maguey hasta el pulque y es determinante de actividades metabólicas características de la fermentación.

**Metodología.** Las muestras de tejido vegetal (*metzal*) de las paredes del cajete del maguey y aguamiel (savia) se colectaron de 3 *Agaves* diferentes de la misma zona geográfica (Huitzilac, Morelos), así como pulque comercial del productor usado como semilla. Se realizaron tres fermentaciones en el laboratorio durante 6 horas a 28-30°C, haciendo un total de 18 muestras que se analizaron (6 por fermentación). Se realizó secuenciación masiva de amplicones del gen 16S ADNr de las regiones hipervariables V3-V4 e ITS1 de las 18 muestras, se utilizó Illumina MiSeq 2x250 y se analizaron con el software QIIME para la asignación taxonómica utilizando la base de datos SILVA para bacterias y UNITE para hongos, así como para análisis de diversidad. Para la cuantificación de los metabolitos de la fermentación se utilizaron técnicas de HPLC cuyos protocolos se describen en extenso en Astudillo-Melgar et al 2023 (4).

**Resultados.** Los resultados demostraron que los microorganismos presentes en el metzal, aguamiel y durante el proceso de fermentación son los mismos, definiéndose como el núcleo microbiano de la bebida el cual esta conformado por 8 géneros de bacterias y 5 de hongos, resaltando los géneros *Zymomonas* y *Saccharomyces* como los más abundantes. Se

determinó la dinámica de estos grupos durante la fermentación (Fig. 1A y B) y se cuantificaron diferentes metabolitos descritos como esenciales del pulque, observándose que en las primeras etapas (aguamiel) es rica en carbohidratos mientras en las últimas etapas (pulque T6) aumenta la concentración del etanol (Fig. 1C y D).

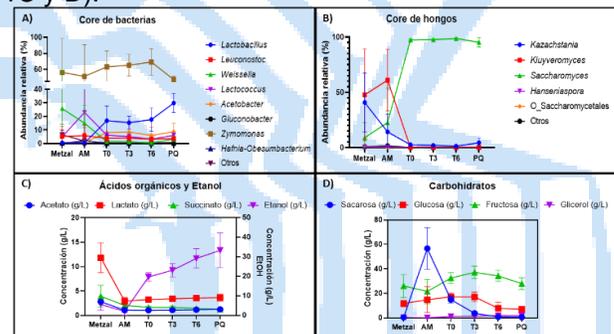


Fig. 1. Características del proceso de fermentación del pulque.

A) Core de bacterias, B) Core de hongos, C) Ac. orgánicos y etanol, D) Carbohidratos.

**Conclusiones.** En este estudio se determinó que el núcleo microbiano responsable de la fermentación del pulque esta conformado por los géneros *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Weissella*, *Lactococcus*, *Acetobacter*, *Gluconobacter*, *Zymomonas*, *Obesumbacterium*, *Kazachstania*, *Kluyveromyces*, *Saccharomyces* y *Hanseniaspora*. Este núcleo microbiano se conserva a través de todo el proceso fermentativo siendo responsable de su relación con el perfil de metabolitos cuantificados.

**Agradecimiento.** Este trabajo fue apoyado por el proyecto PAPIIT IN227023 y CONACyT por la beca de posgrado otorgada.

### Bibliografía.

- Escalante A, López-Soto DR, Velázquez-Gutiérrez JE, Giles-Gómez M, Bolívar F, López-Munguía A. (2016) *Front. Microbiol.* Vol. 7:1-18.
- Chacón-Vargas K, Torres J, Giles-Gómez M, Escalante A, Gibbons JG. (2020) *Sci. Rep.* Vol. 10 (1):1-13.
- Rocha-Arriaga C, Espinal-Centeno A, Martínez Sánchez S, Caballero-Pérez J, Alcaraz LD Cruz-Ramírez A. (2020) *Microbiol. Res.* Vol. 241.
- Astudillo-Melgar F, Hernández-Chávez G, Rodríguez-Alegría M E, Bolívar F, Escalante A. (2023). *Fermentation.* Vol. 9(4):342.