

Enterococcus faecium QD-2, ¿patógeno o probiótico?

Daniel Acero, Diana I. Romero y Maricarmen Quirasco, Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Química. Depto. de Alimentos y Biotecnología, Ciudad de México, 04510, quirabma@unam.mx.

Palabras clave: genómica comparativa, minería genómica, alimentos fermentados

Introducción. Las bacterias ácido lácticas (BAL) forman parte de diversos nichos ecológicos (1). Dentro de las BAL está *Enterococcus*, un género asociado a infecciones en hospitales y con multirresistencia a antibióticos. Además, se encuentra distribuido de forma ubicua, incluyendo a los alimentos fermentados. Estudios de genómica comparativa indican que las cepas de ambos hábitats son diferentes entre sí. En trabajos anteriores, se han aislado múltiples cepas de *Enterococcus faecium* a partir de quesos madurados, las cuales presentaron características probióticas y no mostraron fenotipos asociados con las cepas nosocomiales (2). En esta investigación se buscaron las diferencias genómicas entre la cepa alimentaria QD-2 y las cepas nosocomiales de *E. faecium*.

Metodología. Se estudió el genoma de la cepa QD-2 de *E. faecium* aislada de un queso Cotija elaborado en Quitupán, Jalisco. Este genoma fue secuenciado en un equipo NextSeq 500 de Illumina en la Unidad Universitaria de Secuenciación Masiva y Bioinformática-IBt-UNAM. El genoma se ensambló en Spades v.3.13.0 y su anotación fue realizada en Prokka v.1.13.3 y PAP v.1.0. Las secuencias de las otras cepas se tomaron de GenBank. La generación y análisis del pangenoma fue realizada con roary v.3.11.2 (3) y GET_HOMOLOGUES (4). La representación gráfica del pangenoma fue realizada con roary_plots y BRIG v.0.95.

Resultados. El *draft* del genoma QD-2 se construyó con 97 contigs. Se encontraron 2615 marcos de lectura abiertos, donde se anotaron genes relacionados con el sistema proteolítico, de transporte de péptidos, producción de bacteriocinas, proteínas de colonización y genes de resistencia a antibióticos, entre otros (Tabla 1). Las principales diferencias genómicas halladas entre QD-2 y las cepas nosocomiales (Aus0085 y Aus0004) consisten principalmente en la presencia de genes de colonización, de utilización de azúcares y de síntesis de péptidos antimicrobianos, además de la ausencia de genes de resistencia a varios antibióticos como vancomicina y tetraciclina, entre otros, Fig.1. Si bien posee un gen de resistencia a eritromicina, las cepas nosocomiales llegan a tener hasta tres diferentes.

Tabla 1. Composición del genoma de *E. faecium* QD-2.

Tamaño del genoma (bp)	2,676,947
GC (%)	~ 39
No. de rRNAs	3
No. de CDSs	2565
No. de tRNAs	46
No. de tmRNAs	1
Genes de resistencia	<i>aac(6)-li, msr(C), ClpL</i>
Factores de virulencia	
Adherencia	<i>EbpA/B/C, SrtC, EfaA</i>
Biopelículas	<i>BopD</i>
Bacteriocinas	<i>UviB, EntX, EntA, EntB, ORF 615, ORF 616.</i>

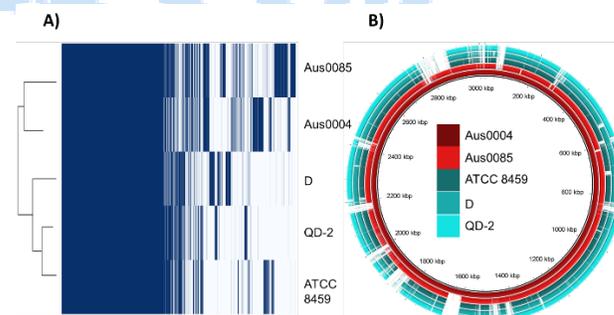


Fig. 1. A) Pangenoma y árbol filogenético (por máxima verosimilitud) de *E. faecium* QD-2 comparado contra dos cepas probióticas (D, ATCC 8459) y dos cepas patógenas (Aus0085, Aus0004). B) Anillo comparativo del pangenoma de las cepas estudiadas.

Conclusiones. A pesar de que las bacterias estudiadas pertenecen al mismo género y especie, la cepa QD-2 no tiene los factores de virulencia necesarios para la patogenicidad que sí poseen las cepas nosocomiales. Y sí contiene genes que le conferirían características probióticas, ventajas en la utilización de carbohidratos y de competencia contra patógenos.

Agradecimiento. PAPIIT IN220921, IN214423, PAIP 5000-9102.

Bibliografía.

- Romero, D.I. (2022). Análisis de bacteriocinas producidas por *Enterococcus faecium* de origen alimentario. Universidad Nacional Autónoma de México. Cd.Mx.
- Olvera-García, M., Sanchez-Flores, A. & Quirasco, M. (2018). *Appl Microbiol Biotechnol.* 102: 2251–2267
- Page, A. J., Cummins, C. A. *et al* (2015). *Bioinformatics.* 31(22): 3691–3693.
- Contreras-Moreira, B., Vinuesa, P. (2013). *Appl Environ Microbiol.* 79(24): 7696–7701.