

PERFIL PROTEOMICO DE STREPTOCOCCUS EN LA FERMENTACION DEL POZOL

Daniel Guillén¹, Jocelin Rizo², Carmen Wachter³, Romina Rodríguez-Sanoja¹

¹Dpto. Biología Molecular y Biotecnología, Instituto Investigaciones Biomédicas, UNAM, CDMX 04510. romina@iibiomedicas.unam.mx

²Dpto. de Genómica Funcional de Procariontes, Centro de Ciencias Genómicas, UNAM, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, Morelos 62210

³Dpto. Alimentos y Biotecnología, Facultad de Química, UNAM.

Palabras clave: Pozol, Streptococcus, Proteómica, Fermentación tradicional

Introducción. El pozol es una bebida de origen maya, ácida y sin alcohol hecha de nixtamal fermentado espontáneamente. Se ha consumido desde la época precolombina como único alimento en las jornadas de trabajo o bebida refrescante durante el día, principalmente en el sureste de México por grupos indígenas y mestizos. Este alimento se caracteriza por una microbiota compleja, formada principalmente por bacterias ácido lácticas (BAL), pero también incluye enterobacterias, bacterias aerobias mesófilas, levaduras y mohos [1]. Es dentro de las primeras 9 horas de fermentación que las BAL se vuelven el grupo más abundante siendo el género *Streptococcus* el predominante. El cambio en la microbiota se correlaciona con la caída del pH, la disminución en el contenido de carbohidratos y fibra, y con el aumento en la concentración de lípidos y nitrógeno, lo que muestra a esta etapa como la de mayor actividad metabólica [2]. La adaptación de *Streptococcus* spp. al sistema depende de la diversidad de enzimas que expresan estas bacterias para aprovechar las fuentes de carbono y nitrógeno disponibles, para competir y establecerse, así como su capacidad de soportar condiciones cambiantes de pH, lo cual conlleva a que dominen y persistan durante el proceso de fermentación, incluso frente a otras BAL.

El objetivo de este trabajo fue analizar el proteoma del género *Streptococcus* e identificar las proteínas que le permiten dominar la fermentación y su impacto en el pozol.

Metodología. Se adquirieron muestras de masa de nixtamal recién molida en Tabasco, México. Las muestras se envolvieron en hojas de plátano y se incubaron a 37°C para analizar a las 0, 9, 24 y 48 h. Las muestras se procesaron como previamente se reportó [2] y los datos de espectrometría de masas obtenidos fueron analizados con MaxQuant bajo los parámetros cargados por default y usando la base de datos de *Streptococcus* de Uniprot. Las entradas se filtraron utilizando una tasa de falsos positivos del 1 % y se eliminaron todos los falsos positivos. Las proteínas identificadas se clasificaron funcionalmente según el sistema de anotación de ortología KEGG.

Resultados. Se identificaron 35451 proteínas de las cuales 1372 fueron asignadas a diferentes rutas metabólicas siendo cuatro vías las principales; metabolismo de aminoácidos (17,64%), de nucleótidos (17,41%), de carbohidratos (15,59%) y biosíntesis de metabolitos secundarios (13,11%). Dentro del metabolismo de carbohidratos se encontraron varias proteínas relacionadas a diferentes vías metabólicas (glucólisis/gluconeogénesis, ciclo del ácido tricarbóxico y ruta de las pentosas fosfato), algunas de ellas involucradas en el metabolismo de piruvato, propanoato y butanoato, vías que contribuyen a la mejora de las características organolépticas.

Además, se encontraron enzimas relacionadas con la degradación de polisacáridos (almidón, celulosa y hemicelulosa), producción de exopolisacáridos, proteínas moonlighting reportadas como importantes para la resistencia a pH ácido y para la adhesión. Este repertorio de actividades podría darle ventajas competitivas a *Streptococcus* sobre otras bacterias, lo que puede explicar su abundancia durante la fermentación. Por otra parte, se identificaron péptidos con capacidad antimicrobiana, proteasas de distintas familias y proteínas con capacidad inmunomoduladora, lo cual es un aspecto importante por el impacto que puede tener en la salud del consumidor frecuente.

Conclusiones. La amplia variedad de enzimas que presenta *Streptococcus* para metabolizar fuente de carbono, adaptarse a pH ácido así como la producción de exopolisacárido y péptidos antimicrobianos le confieren una ventaja adaptativa frente a otros microorganismos para crecer de manera tan abundante en el pozol y conferirle propiedades organolépticas y benéficas al alimento.

Agradecimiento. UNAM-DGAPA IN223917, IN216419

Bibliografía.

1. Wachter, C., Cañas, A., Barzana, E., Lappe, P., Ulloa, M. & Owens, J.D (2000). *Food Microbiol. Vol (17): 252-256.*
2. Rizo, J., Guillén, D., Díaz-Ruiz, G., Wachter, C., Encarnación, S., Sánchez, S., & Rodríguez-Sanoja, R. (2021). *Front. Nutr.* 8:4814.