

## ANÁLISIS ÓMICOS EN LA MICROBIOLOGÍA DE ALIMENTOS

Maricarmen Quirasco, Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Química. Depto. de Alimentos y Biotecnología, Ciudad de México, 04510, [quirabma@unam.mx](mailto:quirabma@unam.mx).

*Palabras clave: Metagenoma queso Cotija, Enterococcus, genómica comparativa*

**Resumen.** Los alimentos fermentados son un excelente modelo de estudio para la aplicación de métodos ómicos, tanto en la elucidación de la composición de su microbiota, como para realizar un análisis más profundo de algún microorganismo en particular, por ejemplo, en la tipificación de especies bacterianas de la comunidad microbiana fermentativa.

En mi grupo de trabajo nos ha interesado estudiar a la microbiota asociada a la maduración de quesos. En dicho proceso se llevan a cabo cambios fisicoquímicos, como la pérdida de humedad, procesos microbiológicos que dan como resultado un aumento en la acidez del producto y cambios bioquímicos, al llevarse a cabo modificaciones enzimáticas de la lactosa, lípidos y proteínas de la leche. Todos estos eventos dan como resultado un producto con características organolépticas deseables y ayudan a aumentar la vida de anaquel del queso. Incluso pueden producirse bacteriocinas, las que pueden tener un efecto inhibitorio específico contra bacterias patógenas como *Listeria monocytogenes* o *Staphylococcus aureus*, impactando positivamente a la inocuidad microbiológica del producto.

En particular nuestro modelo de estudio es el queso Cotija. Éste se elabora con leche no pasteurizada, sin la adición de cultivos iniciadores, y se deja madurar por al menos tres meses. No tiene más ingredientes que la leche, sal de grano y cuajo de origen animal.

El análisis metagenómico de las bacterias del queso Cotija reveló que la comunidad está compuesta por más de 500 géneros, dominada por miembros del grupo Firmicutes: *Lactiplantibacillus plantarum*, *Weissella paramesenteroides* y *Leuconostoc mesenteroides*. Dentro de las bacterias no dominantes se encuentran 31 phyla de bacterias y arqueas, de las que destacan los géneros *Propionibacterium*, *Bifidobacterium*, *Corynebacterium*, bacterias ácido lácticas (BAL) marinas y otras halófilas. La ausencia de secuencias de bacterias patógenas sugiere que su consumo es seguro, siempre y cuando el queso se haya elaborado a partir de leche de ganado sano y se hayan seguido prácticas higiénicas durante su elaboración. La información metagenómica por shotgun permitió la reconstrucción de las vías metabólicas más importantes que se llevan a cabo por la comunidad bacteriana, donde sobresale el

metabolismo de aminoácidos, ácidos grasos, azufre y la degradación de compuestos aromáticos que, junto con actividades enzimáticas específicas, llevan a la biosíntesis de moléculas de aroma y sabor, como los ácidos butírico y propiónico, el metanotiol, benzaldehído y fenilacetato, entre otros (1).

Por otra parte, dentro de la microbiota de este queso, hemos aislado a un género de BAL controversial: *Enterococcus*, principalmente de las especies *faecium* y *faecalis*. Debido a que los *E. faecium* resistentes a vancomicina son un tema de preocupación en salud pública, nos interesó saber la relación filogenética entre las cepas de origen nosocomial con las que hemos aislado del queso Cotija, para lo cual realizamos análisis de genómica comparativa. Nuestros resultados indican que las cepas aisladas de quesos tienen genes relacionados con metabolismo de azúcares y de proteínas, que las patógenas no poseen. Y, por otro lado, no presentan genes relacionados con resistencia a los siguientes antibióticos: glicopéptidos (como la vancomicina), nucleósidos, tetraciclinas y trimetoprim, mientras que las cepas de hospitales llegan a presentar hasta 5 copias de genes relacionados con dichas resistencias. Se realizó paralelamente un análisis de MLST, el que ubica a las cepas aisladas del queso en clados junto con cepas aisladas de otros alimentos y cepas de origen animal. Están alejadas del complejo clonal 17, que corresponde a cepas de origen hospitalario (2 y 3). Los resultados sugieren que las cepas de aisladas del queso Cotija, tienen una relación filogenética más cercana a cepas comensales y que sus diferencias genómicas están asociadas al nicho ecológico del que provienen.

**Agradecimiento.** UNAM–PAPIIT IN222717, IN229319, IN220921 e IN214423.

### Bibliografía.

1. Escobar-Zepeda A., Sanchez-Flores A., Quirasco M. (2016) *Food Microbiol.* 57: 116-127.
2. Olvera M., Sanchez-Flores A., Quirasco M. (2018) *Appl Microbiol Biotechnol* 102:2251–2267.
3. Acero-Pimentel D., Romero-Sánchez D. I., Fuentes-Curiel S. N., Quirasco M. en revisión.