

CARACTERIZACIÓN MICROBIOLÓGICA DE PRODUCTOS LÁCTEOS TRADICIONALES PARA EL DISEÑO DE CULTIVOS INICIADORES

Autor: Ángel Alegría González.

Director: Baltasar Mayo.

Centro de realización: Departamento de Microbiología y Bioquímica de Productos Lácteos, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Villaviciosa, Asturias.

Centro de presentación: Departamento de Ingeniería Química y Tecnología del Medio Ambiente, Universidad de Oviedo, Oviedo, Asturias.

Para la supervivencia de los productos tradicionales en el mercado actual, estos deben mantener sus propiedades físico-químicas y organolépticas típicas, así como unas buenas condiciones higiénicas y de conservación. Una de las vías para alcanzar estos objetivos es la identificación y caracterización de los microorganismos presentes en los productos tradicionales, como paso previo para el diseño de cultivos iniciadores o fermentos que reproduzcan las fermentaciones de manera eficiente y controlada y que mantengan las cualidades sensoriales propias de los productos tradicionales. En este contexto, el objetivo del trabajo consistió en la caracterización microbiológica de diversos productos lácteos tradicionales que no habían sido estudiados previamente (queso tradicional asturiano Casín, con DOP desde el año 2008, el queso tradicional polaco Oscypek, también con DOP, y una leche fermentada natural), con el fin de identificar y seleccionar microorganismos con interés tecnológico, fundamentalmente BAL (BAL), para el diseño de cultivos iniciadores.

La diversidad microbiana de estos productos lácteos a lo largo de los procesos de elaboración y maduración se llevó a cabo mediante técnicas clásicas de cultivo y técnicas microbiológicas independientes de cultivo como la DGGE y la pirosecuenciación de amplicones del gen que codifica el ARNr 16S. Los aislados de los cultivos se identificaron y tipificaron por métodos moleculares, y las cepas de bacterias ácido-lácticas (BAL) más prometedoras se sometieron a una caracterización exhaustiva de sus propiedades bioquímicas, genéticas, tecnológicas y de seguridad. Entre los resultados más sobresalientes del trabajo, cabe destacar una mejor caracterización de los ecosistemas de los productos lácteos analizados y la identificación y selección de diversos aislados de BAL que pueden utilizarse para el diseño de fermentos específicos o para complementar los fermentos industriales actualmente en

uso. Algunas mezclas o sus cepas componentes se han transferido a industrias productoras de fermentos. El resto están en fase de transferencia o han pasado a formar parte de la gran colección de BAL del IPLA.

ANÁLISIS MOLECULAR DE SteA, EFECTOR DE LOS SISTEMAS DE SECRECIÓN TIPO III DE SALMONELLA, Y ESTUDIO GLOBAL DE SU IMPACTO EN LA CÉLULA HOSPEDADORA

Autora: Elena Cardenal Muñoz.

Director: Francisco Ramos Morales.

Centro: Departamento de Genética. Facultad de Biología. Universidad de Sevilla.

Salmonella enterica es una bacteria Gram negativa que causa gastroenteritis, bacteriemia y fiebre tifoidea en diversos animales. Su virulencia depende en gran medida de dos sistemas de secreción tipo III, T3SS1 y T3SS2, que están codificados en las islas de patogenicidad SPI-1 y SPI-2, respectivamente. Estos sistemas translocan proteínas llamadas efectores a las células hospedadoras eucarióticas. Los efectores interfieren con vías de transducción de señales del hospedador para permitir la internalización del patógeno y su supervivencia y proliferación en vacuolas. SteA es uno de los pocos efectores de *Salmonella* que son sustratos de ambos T3SS.

Hemos analizado las condiciones que afectan a la síntesis de este efector, su secreción al medio de cultivo y su translocación a células hospedadoras. Además, hemos identificado la secuencia necesaria para la secreción de SteA, presente en los diez primeros aminoácidos de la proteína. Mediante un escrutinio genético hemos determinado que PhoP, un regulador de la virulencia de *Salmonella*, controla la transcripción de *steA* mediante la unión directa a su promotor. El estado redox celular contribuye a la regulación transcripcional de *steA* a través de una vía reguladora que incluye el oxidante periplásmico DsbA, el péptido de membrana interna MgrB, y el sistema de dos componentes PhoQ/PhoP.

Finalmente, hemos llevado a cabo un análisis transcriptómico en células HeLa transfectadas establemente con el gen *steA*. La síntesis de SteA en estas células epiteliales, a través de la modificación de diferentes vías de transducción de señales, da lugar a un aumento de la tasa de endocitosis y una disminución de las uniones intercelulares, la velocidad de migración celular y la citotoxicidad.

Publicación de resúmenes de Tesis Doctorales

SEM@foro publica resúmenes de Tesis Doctorales realizadas por miembros de la SEM. Deben enviarse a la Secretaría de la SEM (secretaria.sem@semicrobiologia.org) o al Director Editorial (vicjcid@farm.ucm.es) por correo electrónico, siguiendo el formato: Título, Autor, Director(es), Centro de realización, Centro de presentación (si es distinto) y Resumen (máximo, unas 200 palabras).

SEM@foro se reserva el derecho a no publicar la información si el resumen es excesivamente largo o el tema del trabajo no guarda suficiente relación con la Microbiología.