

En esta ocasión en la sección “Nuestra Ciencia” se publican los resúmenes de los trabajos presentados durante el congreso FEMS-SEM y que fueron galardonados con el 1º y 3º premio al mejor póster, respectivamente.

COMPRENDIENDO EL IMPACTO DE LA PRODUCCIÓN ANIMAL EN LA DISEMINACIÓN DE *MCR-1*



G. Moyano, J.F. Delgado-Blas, A. Hoefler, N. Montero, B. Gonzalez-Zorn.  
 Animal Health Department, Faculty of Veterinary Medicine and VISAVET, Complutense University of Madrid, 28040 Madrid, Spain.

Desde hace más de una década, la colistina es considerada un antibiótico de último recurso para el tratamiento de bacterias multiresistentes. Contrariamente a lo sucedido en medicina humana, la colistina es usada de manera generalizada en producción animal. El descubrimiento del primer gen movilizable que confiere resistencia a colistina “*mcr-1*” y sus variantes despierta una gran preocupación, especialmente en lo relacionado con el impacto de las prácticas de producción animal en la Salud Pública. Dentro del proyecto EFFORT (*Ecology from Farm to Fork Of microbial drug Resistance and Transmission*) hemos analizado la prevalencia de *mcr-1* en explotaciones de cerdos, pollos y pavos en España. Un total de 572 *Escherichia coli* fueron analizadas, determinándose la presencia de *mcr-1* por PCR, el perfil de resistencia y la relación filogenética entre los diferentes aislados mediante sus perfiles de electroforesis de campo pulsado con la enzima de restricción XbaI (PFGE), así como el uso de colistina en las explotaciones. En total, 37 aislados presentaron valores de CMI que variaban desde 2 a 8 µg/ml. La mayoría de estos aislados resultaron positivos en la PCR de detección de *mcr-1* (92%), lo que pone de manifiesto la importancia de este gen en la resistencia a colistina en aislados de origen animal. Observándose, una posible asociación entre sistemas productivos y este mecanismo de resistencia, aunque, no todas las cepas portadoras de *mcr-1* provenían de lotes tratados con colistina. Hasta donde los autores conocen, esta es la primera vez *mcr-1* es descrito en pollos en España. Resaltar, que en un 6% de las granjas la presencia de *mcr-1* se detectó en al menos un 40% de los aislados lo que sugiere un estatus endémico que aumenta el riesgo de transmisión y compromete la eficiencia de este antibiótico. Destacar, la presencia de la misma cepa en dos especies animales diferentes, cerdo y pollo, lo que indica un amplio rango de hospedador y además la gran variedad de clones en los que se detectó *mcr-1* poniendo de manifiesto la capacidad de este gen para ser movilizado en diferentes entornos genéticos.

Estos resultados demuestran que el sistema de producción animal puede actuar como reservorio de *mcr-1* y refuerza la necesidad de combatir la amenaza de la resistencia a antibióticos desde el punto de vista de una única salud.

G. Moyano, J.F. Delgado-Blas, A. Hoefler, N. Montero, B. Gonzalez-Zorn. *Understanding the impact of production animals on the dissemination of mcr-1*. Congreso FEMS-SEM 2017

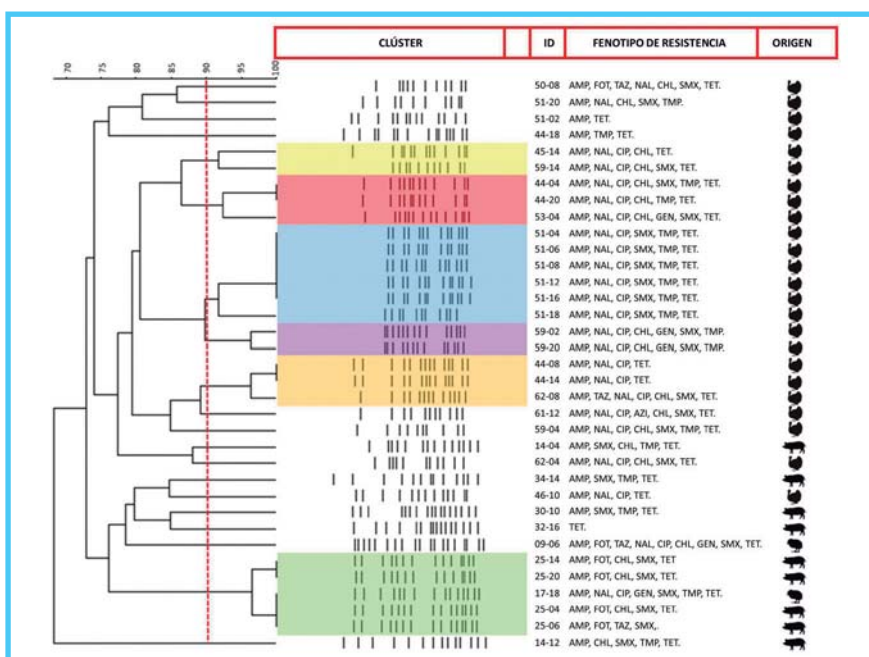


Figura 1. Resultado de PGFE de 35 cepas *mcr-1* positivas de las diferentes granjas de pollos, pavos y cerdos de España. Aquellas que mostraron al menos un 90 % de similitud fueron agrupadas en clúster indicados por colores. El código numérico (ID) compuesto por dos pares de números, primero, la granja y segundo la muestra, indican el origen de la cepa. El fenotipo de resistencia y el animal de origen se representan en las dos últimas columnas. SMX: Sulfamethoxazole, TMP: Trimethoprim, CIP: Ciprofloxacina, TET: Tetraciclina, AZI: Azithromycina, NAL: Ácido Nalidíxico, FOT: Cefotaxima, CHL: Chloramphenicol, TAZ: Ceftazidima, AMP: Ampicilina, GEN: Gentamicina.



## EL ESTUDIO EVOLUTIVO DE LA MICROBIOTA NATURAL DEL “CHORIZO DE LEÓN” MEDIANTE SECUENCIACIÓN MASIVA DE ADN PERMITE TRAZAR AL FABRICANTE

nmartinquijada@gmail.com



Narciso M. Quijada, David Rodríguez-Lázaro y Marta Hernández

El origen de los embutidos se remonta a la época romana y a la zona geográfica Mediterránea, donde el clima favorece la maduración de la carne. Existe una gran variedad regional de productos crudos curados y en la mayoría de los casos las elaboraciones se realizan de manera tradicional, esto es, sin la inoculación durante el procesado de cultivos bacterianos iniciadores. En estas fabricaciones, el proceso fermentativo de carne es llevado a cabo por la microbiota autóctona presente durante el proceso (equipamiento, ambiente, carne cruda, tripa de embutir, etc.) y que es responsable de las características organolépticas propias de cada embutido. El éxito de estas comunidades microbianas a la hora de colonizar y prosperar en el embutido depende de su capacidad para sobreponerse a distintos parámetros fisicoquímicos (temperatura, pH, concentración de sal, etc.) y a la competición frente a otros microorganismos. Determinados taxones bacterianos se han identificado como predominantes y responsables de las características organolépticas de los embutidos, como son *Lactobacillus* y *Staphylococcus*.

Nuestro estudio analizó la microbiota presente en el “Chorizo de León”, un producto que recibió el distintivo de “Marca de Garantía” en 2014, durante distintas etapas de su producción en 6 fabricantes diferentes. La metodología implicó la secuenciación masiva de amplicones de regiones variables del gen 16S ARNr (el cual se utiliza como marcador taxonómico) y su posterior análisis bioinformático.

Se observó una evolución de la microbiota a lo largo del proceso. En las primeras fases (desde la carne picada hasta el producto recién embutido) la microbiota resultó muy diversa, donde distintos géneros abundaban, tales como *Lactobacillus*, *Staphylococcus* y *Bacillus*. También aparecieron bacterias relacionadas con el deterioro del alimento en condiciones de refrigeración (*Brochothrix* y *Pseudomonas*), si bien la presencia de éstas últimas decreció a lo largo del proceso. Desde que la carne se embute, comenzando la fermentación y maduración del “Chorizo de León”, la microbiota se vuelve más estable y *Lactobacillus* se convierte en el género dominante en todas las producciones y productos finales. *Staphylococcus* sólo tuvo una presencia significativa en el “Chorizo de León” de un fabricante.

Mediante la técnica “oligotyping” (la cual busca diferencias a nivel de nucleótido) conseguimos aumentar la resolución taxonómica del gen 16S ARNr e investigar la diversidad sub-género de *Lactobacillus* y *Staphylococcus*. Este proceso es importante, ya que especies muy cercanas taxonómicamente pueden albergar distintas características genéticas que pueden afectar al desarrollo del embutido. De los 65 oligotipos identificados para *Lactobacillus*, 2 oligotipos (identificados como *Lactobacillus sakei*) fueron encontrados en especial abundancia y en todos los productos de “Chorizo de León”. Sin embargo, un análisis en profundidad evidenció que cada fabricación albergaba un elenco propio de oligotipos de *Lactobacillus*, de la especie *L. sakei* u otras (*L. curvatus*, *L. fuchuensis* o *L. plantarum*). El “oligotyping” en *Staphylococcus* permitió identificar un único oligotipo, identificado como *Staphylococcus equorum*, como predominante en el único fabricante donde *Staphylococcus* se encontró de manera significativa en el producto final.

La adición de azúcar durante el marinado es fermentado a ácido láctico, haciendo que disminuya el pH y favoreciendo el crecimiento de bacterias ácido-lácticas como *Lactobacillus*, las cuales a su vez contribuyen a las características organolépticas del producto como resultado del metabolismo de carbohidratos, la hidrólisis del peróxido de hidrógeno (que confiere rancidez producto) y la producción de compuestos volátiles

En este estudio se analizó por primera vez la microbiota del “Chorizo de León” utilizando metodologías de secuenciación masiva de ADN. El análisis de alta resolución taxonómica resultado del “oligotyping” permitió discernir diferencias entre los géneros bacterianos predominantes en el “Chorizo de León” de los distintos fabricantes, pudiendo ser responsables de las características organolépticas propias de cada producto. El avance en el conocimiento de los sucesos microbiológicos que acontecen en la elaboración del “Chorizo de León” puede mejorar las condiciones del proceso de tal forma que se aumente la seguridad y calidad del producto y sea un marcador del origen del propio producto.

Quijada, NM, De Filippis F, Sanz JJ, García-Hernández MC, Rodríguez-Lázaro D, Ercolini D, Hernández M. *Food Microbiol.* 2017, 70, 94-102. doi: 10.1016/j.fm.2017.09.009. Different *Lactobacillus* populations dominate in “Chorizo de Leon” manufacturing performed in different production plants.