

València, 30 de agosto de 2024

## Crean una gran base de datos con la información genética de los microbios de nuestra comida

- El nuevo archivo, obtenido por un equipo internacional con investigadores del CSIC, permitirá identificar microorganismos indeseables, seguir la vida microbiana a través de la cadena alimentaria y mejorar los alimentos
- Es fruto del trabajo del consorcio internacional MASTER, que ha analizado más de 2.500 metagenomas microbianos asociados a alimentos procedentes de 50 países



Mostrador de quesos azules asturianos en un mercado de productos artesanos. / Melisa Cabal IStock

Los microbios son parte de la comida que comemos y pueden influir en nuestra propia microbiota (el conjunto de microorganismos que viven en nuestro cuerpo), pero sabemos muy poco sobre los microbios de nuestra comida. Ahora, un equipo internacional de investigadores ha desarrollado una base de datos del microbioma de la comida mediante el análisis de los metagenomas (término que designa todo el material genético del conjunto de microorganismos de un ambiente) de cientos de alimentos. En el trabajo participa el Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA), del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC).

Han identificado 10.899 microbios asociados a la comida, la mitad de los cuales eran especies desconocidas, y han mostrado que los microbios asociados a la comida explican el 3% del microbioma intestinal de los adultos y el 56% del microbioma intestinal infantil. El estudio se publica en la revista científica *Cell* y la base de datos está [accesible como recurso de acceso abierto](#).

Este nuevo recurso permite identificar y controlar los microorganismos indeseables, estudiar el movimiento de los microbios a lo largo de la cadena alimentaria y la propagación de genes de resistencia a antibióticos, además de mejorar los atributos saludables de los alimentos, entre otras aplicaciones.

Esta base de datos, denominada *Curated Food Metagenomic Database* (CFMD), es fruto del mayor estudio sobre microbiomas de alimentos realizado hasta la fecha, y es de acceso libre para facilitar su aplicación a gran escala por parte del mundo académico y la industria.

“Este recurso marcará un hito en la investigación en microbiología de alimentos”, señala **Abelardo Margolles**, investigador del Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), que ha participado en la elaboración de la base de datos. En el consorcio MASTER han participado también investigadores de otros centros del CSIC: la Estación Experimental de El Zaidín (EEZ-CSIC), el Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL, CSIC-UAM) y el Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA-CSIC).

“Este recurso ayudará a los investigadores a afrontar retos que hasta ahora eran muy difíciles de abordar debido a la escasez de metagenomas de alimentos disponibles en las bases de datos”, explica Margolles. “Los microbios alimentarios pueden tener tanto un impacto positivo en la producción de alimentos, por ejemplo, a través de su fermentación, como negativo, en su deterioro o en su implicación en la transmisión de enfermedades”.

“Tradicionalmente, los microorganismos alimentarios se han estudiado cultivándolos en caldos o placas de Petri, pero este proceso es lento y no todos los microbios son cultivables”, añade. Ahora, la base de datos CFMD posibilita que los datos de metagenomas de alimentos, basados en la secuenciación del ADN, puedan analizarse con rapidez y precisión.

## Secuenciación genética masiva

La base de datos CFMD es fruto del trabajo del consorcio internacional MASTER, que ha analizado más de 2.500 metagenomas asociados a alimentos procedentes de 50 países, incluidos 1.950 metagenomas secuenciados por primera vez. Contiene datos sobre 3.600 especies microbianas, incluyendo más de 200 nuevas especies. “Aproximadamente dos tercios de las muestras fueron de productos lácteos y las instalaciones en las que se elaboran; y se han analizado también bebidas y carnes fermentadas, entre otros alimentos”, indica Margolles.

## Identidad microbiana de quesos artesanales

El trabajo del CSIC se ha centrado en el análisis de quesos artesanales asturianos. “Se han analizado ambientes de 28 queserías pertenecientes a la Asociación de Queseros Artesanos del Principado de Asturias, y se ha comprobado que los quesos de cada instalación tienen características únicas”, revela Margolles.

“Esto es importante porque se podría asociar la especificidad y la calidad de los alimentos locales a su microbioma, e incluso posibilita utilizar el metagenoma como un marcador de autenticidad del alimento, representado una poderosa herramienta para garantizar su trazabilidad y origen”, concluye.

Para **Raúl Cabrera Rubio**, investigador CDEIGENT en el IATA-CSIC participante en el trabajo, “la integración de estos recursos permitiría el desarrollo de varias aplicaciones relevantes, desde el estudio de la evolución del microbioma a lo largo del sistema alimentario hasta el estudio de la difusión de la resistencia a los antimicrobianos o de genes relacionados con el deterioro en los alimentos, pasando por la detección de patógenos en el control de la calidad de los alimentos y el estudio de la transmisión a lo largo de la cadena alimentaria de los seres humanos”.

Su aportación al trabajo se centró en el estudio de las cadenas de procesado de quesos, tanto de zonas de contacto alimentario (tanques de fermentación, cuchillos, estanterías...), como de zonas de no contacto alimentario (suelos, desagües...), así como el producto final desde diferentes tipos de leche y tipos fermentativos.

## Sobre el proyecto MASTER

MASTER son las siglas de [Microbiome Applications for Sustainable food systems through Technologies and Enterprise](#). MASTER adopta un enfoque global para el desarrollo de productos basados en el conocimiento de los microbiomas de alimentos, servicios o procesos con un alto potencial comercial, para beneficiar a la sociedad mediante la mejora de la cantidad, calidad y seguridad de los alimentos.

MASTER es un proyecto financiado por el programa de la Unión Europea Horizonte 2020, con 29 socios, que arrancó en enero de 2019 para cartografiar los microbiomas de diferentes entornos alimentarios. El proyecto, en el que participan investigadores de cuatro institutos del CSIC, IPLA, EEZ, CIAL e IATA, ha sido coordinado por el profesor Paul Cotter (Teagasc, Irlanda).

En el trabajo publicado en *Cell* el equipo de la Universidad de Trento (Italia) ha gestionado la creación de la base de datos y han participado también equipos de la Universidad de Nápoles Federico II (Italia), la Universidad de León (España), MATIS (Islandia) y FFoQSI (Austria), con muchos otros colaboradores.

**Referencia:**

Carlino et al., *Unexplored microbial diversity from 2,500 food metagenomes and links with the human microbiome*. *Cell*. DOI: 10.1016/j.cell.2024.07.039