

València, 30 d'agost de 2024

Creen una gran base de dades amb la informació genètica dels microbis del nostre menjar

- El nou arxiu, obtingut per un equip internacional amb investigadors del CSIC, permetrà identificar microorganismes indesitjables, seguir la vida microbiana a través de la cadena alimentària i millorar els aliments
- És fruit del treball del consorci internacional MASTER, que ha analitzat més de 2.500 metagenomes microbians associats a aliments procedents de 50 països



Tauell de formatges blaus asturians en un mercat de productes artesans. / Melisa Cabal IStock

Els microbis són part del menjar que mengem i poden influir en la nostra pròpia microbiota (el conjunt de microorganismes que viuen al nostre cos), però sabem molt poc sobre els microbis del nostre menjar. Ara, un equip internacional d'investigadors ha desenvolupat una base de dades del microbioma del menjar mitjançant l'anàlisi dels metagenomes (terme que designa tot el material genètic del conjunt de microorganismes d'un ambient) de centenars d'aliments. A la feina hi participa l'Institut d'Agroquímica i Tecnologia d'Aliments (IATA), del Consell Superior d'Investigacions Científiques (CSIC).

Han identificat 10.899 microbis associats al menjar, la meitat dels quals eren espècies desconegudes, i han mostrat que els microbis associats al menjar expliquen el 3% del microbioma intestinal dels adults i el 56% del microbioma intestinal infantil. L'estudi es publica a la revista científica Cell i la base de dades és [accessible com a recurs d'accés obert](#).

Aquest nou recurs permet identificar i controlar els microorganismes indesitjables, estudiar el moviment dels microbis al llarg de la cadena alimentària i la propagació de gens de resistència a antibiòtics, a més de millorar els atributs saludables dels aliments, entre d'altres aplicacions.

Aquesta base de dades, anomenada Curated Food Metagenomic Database (CFMD), és fruit del major estudi sobre microbiomes d'aliments realitzat fins ara, i és d'accés lliure per facilitar-ne l'aplicació a gran escala per part del món acadèmic i la indústria.

"Aquest recurs marcarà una fita en la investigació en microbiologia d'aliments", assenya **Abelardo Margolles**, investigador de l'Institut de Productes Làctics d'Astúries (IPLA-CSIC), que ha participat a l'elaboració de la base de dades. Al consorci MASTER hi han participat també investigadors d'altres centres del CSIC: l'Estació Experimental del Zaidín (EEZ-CSIC), l'Institut de Recerca en Ciències de l'Alimentació (CIAL, CSIC-UAM) i l'Institut d'Agroquímica i Tecnologia de Aliments (IATA-CSIC).

"Aquest recurs ajudarà els investigadors a afrontar reptes que fins ara eren molt difícils d'abordar a causa de l'escassetat de metagenomes d'aliments disponibles a les bases de dades", explica Margolles. "Els microbis alimentaris poden tenir tant un impacte positiu en la producció d'aliments, per exemple, a través de la seva fermentació, com negatiu, en el seu deteriorament o implicació en la transmissió de malalties".

"Tradicionalment, els microorganismes alimentaris s'han estudiat cultivant-los en vins o plaques de Petri, però aquest procés és lent i no tots els microbis són cultivables", afegeix. Ara, la base de dades CFMD possibilita que les dades de metagenomes d'aliments, basades en la seqüenciació de l'ADN, es puguin analitzar amb rapidesa i precisió.

Seqüenciació genètica massiva

La base de dades CFMD és fruit del treball del consorci internacional MASTER, que ha analitzat més de 2.500 metagenomes associats a aliments procedents de 50 països, inclosos 1.950 metagenomes seqüenciats per primer cop. Conté dades sobre 3.600 espècies microbianes, incloent-hi més de 200 noves espècies. "Aproximadament dos terços de les mostres van ser de productes lactis i les instal·lacions en què s'elaboren; i s'han analitzat també begudes i carns fermentades, entre d'altres aliments", indica Margolles.

Identitat microbiana de formatges artesanals

La feina del CSIC s'ha centrat en l'anàlisi de formatges artesanals asturians. "S'han analitzat ambients de 28 formatgeries que pertanyen a l'Associació de Formatges Artesans del Principat d'Astúries, i s'ha comprovat que els formatges de cada instal·lació tenen característiques úniques", revela Margolles.

"Això és important perquè es podria associar l'especificitat i la qualitat dels aliments locals al seu microbioma, i fins i tot possibilita utilitzar el metagenoma com a marcador d'autenticitat de l'aliment, representat una poderosa eina per garantir-ne la traçabilitat i l'origen", conclou.

Per a **Raúl Cabrera Rubio**, investigador CDEIGENT a l'IATA-CSIC participant a la feina, "la integració d'aquests recursos permetria el desenvolupament de diverses aplicacions rellevants, des de l'estudi de l'evolució del microbioma al llarg del sistema alimentari fins a l'estudi de la difusió de la resistència als antimicrobians o de gens relacionats amb el deteriorament als aliments, passant per la detecció de patògens en el control de la qualitat dels aliments i l'estudi de la transmissió al llarg de la cadena alimentària dels éssers humans".

La seva aportació al treball es va centrar en l'estudi de les cadenes de processament de formatges, tant de zones de contacte alimentari (tancs de fermentació, ganivets, prestatgeries...), com de zones de no contacte alimentari (sòls, desguassos...), així com el producte final des de diferents tipus de llet i tipus fermentatius.

Sobre el projecte MASTER

MASTER són les sigles de [*Microbiome Applications for Sustainable food systems through Technologies and EnteRprise*](#). MASTER adopta un enfocament global per al desenvolupament de productes basats en el coneixement dels microbiomes d'aliments, serveis o processos amb un alt potencial comercial, per beneficiar la societat mitjançant la millora de la quantitat, la qualitat i la seguretat dels aliments.

MASTER és un projecte finançat pel programa de la Unió Europea Horitzó 2020, amb 29 socis, que va arrencar el gener del 2019 per cartografiar els microbiomes de diferents entorns alimentaris. El projecte, en què participen investigadors de quatre instituts del CSIC, IPLA, EEZ, CIAL i IATA, ha estat coordinat pel professor Paul Cotter (Teagasc, Irlanda).

Al treball publicat a Cell l'equip de la Universitat de Trento (Itàlia) ha gestionat la creació de la base de dades i han participat també equips de la Universitat de Nàpols Federico II (Itàlia), la Universitat de Lleó (Espanya), MATIS (Islàndia) i FFoQSI (Àustria), amb molts altres col·laboradors.

Referència:

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