

Metagenómica aplicada en el sector agroalimentario: oportunidades y desafíos

Pablo Rovira

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA, Uruguay)

El secuenciamiento de ADN bacteriano comenzó en la década del 70 con la tecnología Sanger. A inicios de la década del 2000, nuevos métodos de secuenciamiento de ADN bacteriano comenzaron a emerger denominados “secuenciamiento de última generación” debido a su mayor rendimiento, rapidez y menor costo. Entre ellos se destacan el análisis metagenómico para el estudio de comunidades bacterianas y el secuenciamiento del genoma de cepas aisladas. Dichas técnicas incluyen la extracción, fraccionamiento y amplificación del ADN, ya sea de una comunidad bacteriana o de un aislamiento, para su posterior secuenciado en plataformas de última generación. Como resultado se obtienen millones de secuencias conteniendo la composición de nucleótidos del ADN. Actualmente, existen plataformas que producen secuencias de ADN “cortas” (150-300 bases) y “largas (> 1.000 bases).

En el análisis metagenómico, una muestra aleatoria de ADN es directamente procesada y secuenciada para conocer la composición taxonómica de la comunidad microbiana (microbioma), sin necesidad de enriquecimiento y cultivo de bacterias. Mediante herramientas bioinformáticas, las secuencias obtenidas de ADN son alineadas a bases de datos conteniendo el genoma conocido de miles de bacterias para la identificación de especies y estimación de su abundancia relativa. Conocer la composición de las comunidades bacterianas en las distintas etapas de producción y procesamiento de alimentos permite determinar los microbiomas característicos de cada ambiente, identificar desvíos indeseables y predecir procesos de producción (vida útil, fermentación, maduración, características organolépticas, etc.). Un enfoque alternativo al análisis metagenómico para la clasificación de bacterias en microbiomas es la amplificación y secuenciación del gen 16S ARN ribosomal, característico en organismos procariotas.

El secuenciamiento del genoma de bacterias determina la secuencia completa de ADN en el genoma de una cepa previamente aislada, generalmente un patógeno de interés. La academia y oficinas de regulación están sustituyendo la técnica de electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE, por su sigla en inglés) por el secuenciamiento total del genoma para la tipificación genética de cepas bacterianas, incluyendo patógenos de relevancia en la industria alimentaria (*E. coli*, *Salmonella*, *Listeria*, *Staphylococcus aureus*). El secuenciamiento del genoma ha demostrado un nivel de resolución genética mayor, tanto para discriminar cepas con igual perfil PFGE como para relacionar cepas filogenéticamente cercanas pero con diferente perfil PFGE. Por lo tanto, el secuenciamiento de ADN bacteriano mediante tecnologías de última generación, en conjunto con análisis microbiológicos tradicionales e información epidemiológica, mejoran la detección y seguimiento de brotes de enfermedades transmitidas por alimentos. Adicionalmente, permite caracterizar las cepas aisladas en relación a genes de resistencia a antimicrobianos, factores de virulencia y polimorfismos de nucleótidos simples sin necesidad de técnicas específicas adicionales.

Las principales limitantes del enfoque metagenómico tradicional son la ausencia de información sobre el nivel de expresión del ADN secuenciado, así como la calidad y amplitud de las bases de datos conteniendo los genomas de bacterias. En un futuro, el rol del secuenciamiento de ADN y metagenómica junto a otras técnicas “ómicas” (proteómica, metabolómica, etc.) incrementarán su importancia en las áreas de inocuidad de alimentos y salud pública.