

## Identificación de bacterias específicas del deterioro en carne de pollo

Cinthia E. Saenz- García<sup>a</sup>, Gerardo Nava- Morales<sup>a\*</sup>

<sup>a</sup> Universidad Autónoma de Querétaro, Cerro de las campanas s/n, Querétaro, México.

\* gerardomnava@gmail.com

**Palabras clave:** deterioro, carne de pollo, *Pseudomonas*

### Introducción

El estudio del deterioro de la carne de pollo se ha enfocado principalmente en identificar a las bacterias asociadas al deterioro (BAD). Se ha postulado la existencia de dos grupos de bacterias, las BAD y las BED (Bacterias Específicas del Deterioro)<sup>(1)</sup>. Algunos estudios han identificado diversos géneros de las familias *Listeriaceae*, *Moraxellaceae*, *Shewanellaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Staphylococcaceae*, *Carnobacteriaceae*, *Aeromonadaceae*, *Leuconostocaceae* y *Pseudomonadaceae*<sup>(1,2)</sup> como miembros de las BAD en carne de pollo. Sin embargo, hasta el momento no se ha logrado identificar los géneros bacterianos que representan a las BED en carne de pollo. Se ha postulado que las BED tienen la capacidad de adaptarse a diversas condiciones ambientales del procesamiento de carne de pollo, esto les permite persistir y proliferar para causar deterioro<sup>1</sup>. El objetivo del presente trabajo fue identificar BED y BAD aisladas de carne de pollo utilizando un modelo de deterioro *in vitro*.

### Metodología

**Diversidad de bacterias aisladas de carne de pollo:** Se aislaron bacterias a partir de lavados de carne de pollo (0,4, 8, 10 y 14 días). Se obtuvieron 8 pechugas de pollo de un supermercado de la ciudad de Querétaro, las muestras fueron almacenadas a 4°C. Al final del almacenamiento se realizaron lavados del pollo en 50 ml de solución salina, los lavados se inocularon con diluciones seriadas décuples en los siguientes medios: A) 1.5 g de Tripteína, 0.5 g de Peptona de soya, 0.5 g de Cloruro de sodio y 15 g de Agar bacteriológico por litro., B) 0.15 g de Tripteína, 0.05 g de Peptona de soya, 0.05 g de Cloruro de sodio y 15 g de Agar bacteriológico por litro.

Para la identificación de los aislamientos, se seleccionaron colonias representativas y se realizó la extracción de ADN con el kit comercial Quick – gDNA Zymo Research<sup>2</sup>. Para su identificación se realizó una PCR con el gen *16s rRNA*<sup>2</sup>; los productos de la PCR se secuenciaron con el método Sanger y las secuencias del gen *16S rRNA* fueron analizadas a través de la base de datos del Ribosomal Database Project, 11,0<sup>1</sup>.

**Microorganismos con capacidad de deterioro:** Cada uno de los aislamientos fue inoculado en trozos de 5 g de pechuga de pollo estéril<sup>1</sup>. Se almacenó durante 8 días a 4°C para posteriormente medir la concentración de TVB-N (Nitrógeno Volátil Total, por sus siglas en inglés) con el método de microdifusión de Conway<sup>3</sup>. El nitrógeno volátil total, es un método de rutina que se usa para medir el deterioro de la carne, es uno de los principales parámetros relacionados al desarrollo microbiano, se reconoce que a 20 mg de TVB-N por 100 g de muestra el producto ya está deteriorado<sup>2</sup>.

### Resultados y discusión

Se obtuvieron 100 aislamientos de la carne de pollo, se identificaron 7 familias: *Pseudomonadaceae*, *Moraxellaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Caulobacteraceae*, *Listeriaceae*, *Micrococcaceae* y *Bacillaceae*. Se identificaron bacterias que no se habían asociado al deterioro, esto se debe al uso de medios no convencionales para su recuperación. Todos los aislamientos se inocularon en carne de pollo y se midió la concentración de TVB-N. El 82% de los aislamientos tienen la capacidad de deteriorar (TVB-N > 20 mg), mientras que el 18 % son bacterias asociadas al deterioro (TVB < 20 mg). Estos resultados son comparables con otros estudios, donde se inoculó carne de pollo con aislamientos obtenidos de carne de pollo deteriorada (*Pseudomonas fragi* y *Aeromonas* sp.) y sólo la *P. fragi* causó deterioro (32 mg TVB-N en 8 días)<sup>4</sup>. Además se encontró una mayor diversidad de las BAD (7 familias) en comparación con las BED (6 familias). Se identificó en ambos grupos de bacterias, una proporción mayor de la familia *Pseudomonadaceae* (> 60%), esta información es respaldada por diversos estudios que han identificado a *Pseudomonas* como uno de los principales organismos asociados al deterioro<sup>2</sup>. Sin embargo es importante considerar que en nuestros estudios pudimos identificar a *Pseudomonas* que no tienen la capacidad de deteriorar. Con estos resultados se corrobora que existen dos grupos de bacterias (BED y BAD) en la carne de pollo. Las BED que aceleran el deterioro, >20 mg TVB-N en 4 días, mientras que las BAD no alcanzan niveles superiores a 20 mg de TVB-N en 8 días. Así mismos se identificó que aislamientos de la familia *Pseudomonadaceae*, *Enterobacteriaceae* y *Bacillaceae* cuentan con un repertorio de bacterias con capacidades diferentes de causar deterioro (BED y BAD).

### Conclusiones

Estos resultados nos proveen de nuevo conocimiento sobre la identificación de las bacterias específicas del deterioro en carne de pollo y las diferencias entre aislamientos del mismo género con diferente potencial de causar deterioro. Actualmente se está trabajando en estudios moleculares para identificar determinantes genéticos asociados al deterioro.

### Referencias

1. Saenz-García, C. E., Castañeda-Serrano, P., Mercado Silva, E. M., Alvarado, C. Z., & Nava, G. M., *Foods*, **2020**, 9(2), 225.
2. Zhang Q. Q., Han Y. Q., Cao J. X., Xu X. L., Zhou G. H. and Zhang W. Y., *Poul Sci.*, **2012**, 91 :208–214.
3. Hwang K.-E., Choi Y.-S., Kim H.-W., Choi M.-S., Song D.-H., Kim J.-J., Kim C.J., *Korean J. Food Sci. Anim. Resour.*, **2015**, 35:421–430.
4. Wang G., Wang H., Han Y., Xing T., Ye K., Xu X., Zhou G. *Food Microbiol.* **2017**, 63:139–146.