



**Microbiología
de los Alimentos**
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE
MICROBIOLOGÍA



CSIC
CONSEJO SUPERIOR DE INVESTIGACIONES CIENTÍFICAS

IPLA

INSTITUTO DE
PRODUCTOS LÁCTEOS
DE ASTURIAS

BIENVENIDA

Estimados/as colegas:

Tenemos el placer de recibirlos en el XXIV Congreso Nacional de Microbiología de los Alimentos de la SEM, que se celebra en la ciudad de Gijón los días 14, 15, 16 y 17 de septiembre de 2026. Desde el Comité Organizador del “Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC)”, hemos trabajado con gran ilusión para que sea una experiencia inolvidable, tal como ha sucedido en las ediciones anteriores.

El programa científico se ha diseñado para cubrir la diversidad de temas que aborda el Grupo de Microbiología de Alimentos de la SEM, desde el estudio de los microorganismos en los alimentos hasta los nuevos retos derivados de la irrupción de la Inteligencia Artificial y del “Big data”. Esperamos que este encuentro favorezca un ecosistema dinámico de interacción e intercambio de conocimiento, que refuerce las redes de colaboración e impulse nuevas ideas. Apostamos por la internacionalización y prestamos especial atención a los jóvenes investigadores, que representan el futuro del Grupo de Microbiología de Alimentos de la SEM.

Nuestra sede en las instalaciones del Palacio de Congresos de Gijón, en el Recinto Ferial Luis Adaro, se encuentra en un entorno muy agradable de la ciudad, cerca de la playa y en una zona de parques. Gijón es una ciudad del norte, abierta al mar, de clima agradable en estas fechas y de ambiente festivo. Por ello, hemos preparado un programa cultural que nos permita conocer su historia y disfrutar de productos como los quesos y la sidra asturiana, iconos de nuestra gastronomía y tradición.

¡Bienvenidos a Gijón!

El Comité Organizador



Comité de honor

- Dña. Adriana Lastra. Delegada del Gobierno de España en el Principado de Asturias
- Dña. Carmen Moriyón. Alcaldesa del Ayuntamiento de Gijón
- D. Borja Sánchez. Consejero de Ciencia, Industria y Empleo del Principado de Asturias
- Dña. Eloísa del Pino. Presidenta del Consejo Superior de Investigaciones Científicas
- D. Ignacio Villaverde. Rector de la Universidad de Oviedo
- Dña. María Fernández. Delegada del CSIC en el Principado de Asturias
- D. Rafael Giraldo. Presidente de la Sociedad Española de Microbiología (SEM)
- D. Pablo Salvador Fernández. Presidente del Grupo de Microbiología de Alimentos (SEM)

Comité organizador

- Presidenta: Dra. Beatriz Martínez Fernández
- Vicepresidente: Dr. Victor Ladero Losada
- Secretaria: Dra. Lorena Ruiz García
- Tesorero: Dr. Baltasar Mayo Pérez
- Vocal: Dra. Claudia Rendueles Martínez
- Vocal: Dr. Javier Rodríguez Álvarez
- Vocal: Dr. Sergio Alonso Fernández
- Vocal: Dña. Adela Granja Iglesias
- Vocal: Dr. Ángel Casado Rodríguez
- Vocal: Dña. María Pilar González Cortés
- Vocal: Dra. María Fernández García
- Vocal: Dña. Ana Vallejo Fernández



Comité científico

- Dr. Pablo Salvador Fernández Escámez, Universidad de Cartagena
- Dra. Susana Langa Marcano, INIA-CSIC, Madrid
- Dr. José M. Guillamón Navarro, IATA-CSIC, Valencia
- Dra. Rosa Capita González, Universidad de León
- Dra. Magdalena Martínez Cañamero, Universidad de Jaén
- Dra. Belén Orgaz Martín, Universidad Complutense de Madrid
- Dra. Cristina Reguant Miranda, Universitat Rovira i Virgili, Tarragona
- Dr. Ignacio Álvarez Lanzarote, Universidad de Zaragoza
- Dra. Beatriz Martínez Fernández, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dr. Victor Ladero Losada, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dra. Lorena Ruiz García, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dr. Baltasar Mayo Pérez, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dra. Beatriz del Río Lagar, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dra. Ana Belén Flórez García, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dra. Lucía Fernández Llamas, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dra. Nuria Salazar Garzo, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dra. Susana Delgado Palacio, IPLA-CSIC, Oviedo
- Dr. Felipe Lombó Brugos, Universidad de Oviedo
- Dr. Avelino Álvarez Ordoñez, Universidad de León
- Dra. María Díaz García, Quadram Institute, Norwich, UK
- Dr. Francisco Noe Arroyo López, IG-CSIC, Sevilla
- Dra. Ana Herrero Fresno, Universidade de Santiago de Compostela
- Dra. Ana Allende Prieto, CEBAS-CSIC, Murcia



MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

Lunes, 14 de septiembre

15:00

Registro

17:30

Acto inaugural

📍 Sala Anfiteatro

18:00

Conferencia inaugural

📍 Sala Anfiteatro

Design of microbial solutions for sustainable and healthy fermented food: perspectives & challenges

Dr. Stéphane Chaillou, MICALIS Institute, INRAE, Jouy-en-Josas, Francia

19:00

Cóctel de bienvenida

📍 Sala Asturias

Martes, 15 de septiembre

9:00

Sesión 1

📍 Sala Anfiteatro

Microbiota de alimentos y bebidas: composición y función

Moderadoras: Cristina Reguant Miranda, Universitat Rovira i Virgili, Tarragona

Susana Langa Marcano, INIA-CSIC, Madrid

Conferencias plenarias:

9:00-9:30

P1. Genomics-driven approaches for selecting optimal starter cultures for food fermentation processes

Prof. Dr. Stephan Weck, Vrije Universiteit Brussel, Bélgica

9:30-10:00

P2. Dinámica poblacional de levaduras durante la fermentación del vino desde una perspectiva de invasión ecológica

Dr. Javier Ruiz Ruiz, Universidad Complutense de Madrid

Comunicaciones orales:

10:00-10:10

OS1-01. Diferenciación microbiológica de quesos tradicionales con DOP tecnológicamente análogos mediante metabarcoding: identidad biológica frente al efecto quesería

Almudena Vázquez Merchán, Universidad de Extremadura, Badajoz

10:10-10:20

OS1-02. Evaluación del estado higiénico-sanitario de una empresa elaboradora de aceituna de mesa mediante análisis metataxonómico

Elio López García, IG-CSIC, Sevilla

10:20-10:30

OS1-03. Variación de la micobiota del maíz bajo diferentes escenarios meteorológicos

Antonio Javier Ramos Girona, Universitat de Lleida

10:30-10:40

OS1-04. From SNVs to function: integrating genomic variation and regulation for the selection of optimal starter cultures in food fermentations

Gabriela Samaniego Vinachi, Vrije Universiteit Brussel, Bélgica

10:40-10:50

OS1-05. Análisis de la dinámica de alteración de productos de salmón listos para el consumo mediante secuenciación metagenómica del gen 16S rRNA

Araceli Bolívar Carrillo, Universidad de Córdoba



MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

10:50-11:00 **OS1-06.** Puntos clave para la introducción de la qPCR en el laboratorio de microbiología
Pilar Rodríguez, Condalab, Madrid

11:00

Pausa café y visualización de pósters

📍 **Sala Asturias**

11:30

Sesión 2

📍 **Sala Anfiteatro**

Riesgos biológicos emergentes en alimentos

Moderadores: **Pablo S. Fernández Escámez**, Universidad Politécnica de Cartagena
Rosa Capita González, Universidad de León

Conferencias plenarias:

- 11:30-12:00 **P3. Advanced approaches for the safety evaluation of microorganisms intentionally introduced into the food chain**
Prof. Dr. Pier Sandro Cocconcetti, Institute of Advanced Science for Agriculture, Jolanda di Savoia, Italia
- 12:00-12:30 **P4. Descifrando la circulación de *Listeria* para reducir los riesgos de contaminación en los sistemas de procesamiento de alimentos**
Dr. Juan José Quereda Torres, Universidad CEU Cardenal Herrera, Valencia

Comunicaciones orales:

- 12:30-12:40 **OS2-01.** Mejora en la detección y aislamiento de *Vibrio parahaemolyticus* mediante qPCR y separación inmunomagnética
Alejandro Garrido Maestu, IIM-CSIC, Vigo
- 12:40-12:50 **OS2-02.** Conexión Resistencia Antimicrobianos AMR-CSIC
Pilar García Suárez, IPLA-CSIC, Oviedo
- 12:50-13:00 **OS2-03.** Alteración estructural en RpoD asociada a protecciones cruzadas en *Salmonella* Typhimurium
Raúl Campillo Pérez, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), UNIZAR-CITA, Zaragoza
- 13:00-13:10 **OS2-04.** Análisis del microbioma y resistoma de quesos artesanales mediante metagenómica shotgun
Livia Balaguer Bañeras, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), UNIZAR-CITA, Zaragoza
- 13:10-13:20 **OS2-05.** Evaluación comparativa de tecnologías Illumina y Nanopore en el estudio del resistoma en dos mataderos de porcino
Elena Fernández Trapote, Universidad de León
- 13:20-13:30 **OS2-06.** Impacto de la DANA de 2024 en la persistencia y transferencia de contaminación microbiana en los sistemas agrícolas de la Albufera de Valencia.
Alberto Martínez Alonso, CEBAS-CSIC, Murcia

13:30

Almuerzo y visualización de pósters

📍 **Sala Asturias**



MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

15:00

Sesión 3

📍 Sala Anfiteatro

Nuevas tecnologías de conservación y microbiología predictiva

Moderadores: Ignacio Álvarez Lanzarote, Universidad de Zaragoza
Lucía Fernández Llamas, IPLA-CSIC, Oviedo

Conferencias plenarias:

- 15:00-15:30 **P5. An assessment of the impact of selected emerging thermal and non-thermal technologies on microbial inactivation.**
Prof. Dr. James Lyng, University College Dublin, Irlanda
- 15:30-16:00 **P6. Caracterizar, predecir, decidir: el papel de la microbiología predictiva para la toma de decisiones en tecnologías emergentes.**
Dra. Sara Bover Cid, IRTA-Monells, Girona

Comunicaciones orales:

- 16:00-16:10 **OS3-01.** Aplicación industrial de altas presiones hidrostáticas combinadas con tratamiento térmico para el control de *Alicyclobacillus acidoterrestris* y la reducción de la formación de guayacol en zumo
Pilar Colás Medà, Universitat de Lleida
- 16:10-16:20 **OS3-02.** Detección no destructiva de aflatoxinas en cacahuete mediante imágenes hiperespectrales y redes neuronales
Sonia Marín Sillué, Universitat de Lleida
- 16:20-16:30 **OS3-03.** Caracterización de bacteriófagos y su aplicación en cócteles frente a *Staphylococcus aureus*
Nahia Ureña Esteban, Universidad del País Vasco (EHU), Leioa, Vizcaya
- 16:30-16:40 **OS3-04.** Bacteriófagos para la descontaminación de *Stenotrophomonas* en vegetales frescos bajo un enfoque One Health
Ángel Alegría González, Universidad de León
- 16:40-16:50 **OS3-05.** Evaluación de la actividad bioprotectora de bacteriófagos líticos para reducir *Salmonella* Typhimurium y *Listeria monocytogenes* en tripas naturales de cerdo durante su rehidratación
Laura Rabasco Vílchez, Universidad de Córdoba
- 16:50-17:00 **OS3-06.** Proteínas Antifúngicas (AFPs) como nuevos biofungicidas en conservación de alimentos
Paloma Manzanares Mir, IATA-CSIC, Valencia

17:00

EFSA and AESAN in dialogue: discussing National and European food safety.

📍 Sala Anfiteatro

Moderadora: Ana Allende, CEBAS-CSIC, Murcia

19:00

Paseo turístico



MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

Miércoles, 16 de septiembre

9:00

Sesión 4

Sala Anfiteatro

Alimentos para la salud: microbiota intestinal, probióticos y producción de compuestos bioactivos

Moderadoras: Belén Orgaz Martín, Universidad Complutense de Madrid
Begoña Redruello Trelles, IPLA-CSIC, Oviedo

Conferencias plenarias:

- 9:00-9:30 **P7. Microbiota y salud intestinal: investigación e innovación**
Dr. David Pérez-Pascual, Danone Research & Innovation, Paris-Saclay, Francia
- 9:30-10:00 **P8. Expresión heteróloga en bacterias lácticas como herramientas moleculares para la producción eficiente y sostenible de compuestos bioactivos en alimentos**
Dr. Jose María Landete, INIA-CSIC, Madrid

Comunicaciones orales:

- 10:00-10:10 **OS4-01.** Evaluación del potencial de *Hafnia paralvei* como cultivo adjunto para la elaboración de alimentos funcionales enriquecidos en agmatina
Ángel Casado Rodríguez, IPLA-CSIC, Oviedo
- 10:10-10:20 **OS4-02.** Protección metabólica y hepática vía carnes funcionales y su asociación con alteraciones en la microbiota intestinal en un modelo de rata con síndrome metabólico
Patrick McAlpine, Universidad de Oviedo
- 10:20-10:30 **OS4-03.** Microbiota intestinal temprana, dieta y neurodesarrollo: estudio longitudinal en una cohorte española
Silvia Arboleya Montes, IPLA-CSIC, Oviedo
- 10:30-10:40 **OS4-04.** Microbiota intestinal y terapia endocrina en cáncer de mama
Nuria Salazar Garzo, IPLA-CSIC, Oviedo
- 10:40-10:50 **OS4-05.** Evaluación comparativa de cepas de *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* en la fermentación de leche de burra: impacto sobre propiedades antioxidantes y antihipertensivas
Elsa García Martín, AQUAER 7 CONSULT SL, Villamayor, Salamanca
- 10:50-11:00 **OS4-06.** Efecto de la administración oral de *Ligilactobacillus salivarius* CECT 30362 en la salud intestinal de pacientes con Síndrome de Phelan-McDermid
Pablo Chiscano Vicario, Universidad Complutense de Madrid

11:00

Pausa café y visualización de pósters

Sala Asturias

11:30

Sesión 5

Sala Anfiteatro

Consorcios microbianos: aplicaciones biotecnológicas y sostenibilidad en la cadena alimentaria

Moderadores: José M. Guillamón Navarro, IATA-CSIC, Valencia
María Díaz García, IPLA-CSIC, Oviedo

Conferencias plenarias:

- 11:30-12:00 **P9. Understanding, predicting and evolving interactions in defined microbial consortia: developing tools for Biotechnology**
Dra. Rinke van Tatenhove-Pel, TU-Delft, Países Bajos



MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

12:00-12:30 **P10. Aplicaciones biotecnológicas bacterianas en la cadena alimentaria: revalorización de lactosuero**
Dra. Patricia Ruas-Madiedo, IPLA-CSIC, Oviedo

Comunicaciones orales:

12:30-12:40 **OS5-01.** Biotransformation of fruit by-products into functional water kefir through targeted microbial consortium selection
Inés Calvete de la Torre, Teagasc Food Research Centre, Fermoy, Irlanda

12:40-12:50 **OS5-02.** Diseño de consorcios microbianos sintéticos para potenciar las propiedades prebióticas de matrices vegetales
Pedro Riesco Espinosa, IPLA-CSIC, Oviedo

12:50-13:00 **OS5-03.** Sustainable valorization of avocado residues through LAB–polyphenol bioprotective systems
Andrea Lucena de Opazo, Universidad de Córdoba

13:00-13:10 **OS5-04.** Estudio de la bioactividad de esterasas de carbohidratos de origen microbiano: aplicaciones para producir prebióticos más selectivos
Adela Granja Iglesias, IPLA-CSIC, Oviedo

13:10-13:20 **OS5-05.** Microbial population dynamics during spontaneous fermentation of alperujo: valorisation of an olive oil industry by-product
Judit Pardo González, IATA-CSIC, Valencia

13:00-13:30 **OS5-06.** Desarrollo de una estrategia multi-FISH para el estudio de biofilms biomiméticos y su aplicación directa sobre consorcios bacterianos procedentes de superficies de la industria alimentaria
Josué Jara Pérez, Universidad Complutense de Madrid

13:30

Almuerzo y visualización de pósters

📍 **Sala Asturias**

15:00

Asamblea General del Grupo Especializado de Microbiología de los Alimentos

📍 **Sala Anfiteatro**

15:30

Sesión 6

📍 **Sala Anfiteatro**

Programa de mentoría

Moderadoras: **Magdalena Martínez Cañamero**, Universidad de Jaén
Lorena Ruiz García, IPLA-CSIC, Oviedo

Presentaciones orales seleccionadas

15:30-15:40 **OS6-01.** HayLiMoNeS: haplotyping software for *Listeria monocytogenes* using Nanopore sequencing
Guillermo Illán Ortega, CEBAS-CSIC, Murcia

15:40-15:50 **OS6-02.** Valorisation of milk whey as fermentation substrate for production of LAB-driven plant biostimulants
Barbara Gabriella Szekeres, IPLA-CSIC, Oviedo

15:50-16:00 **OS6-03.** Descifrando la kombucha artesanal: análisis metagenómico y bioquímico
Ares Fernández Fernández, Universidad de Oviedo



MICROBIOLOGÍA DE LOS ALIMENTOS

- 16:00-16:10 **OS6-04.** Differential *sigB* expression and enhanced acid tolerance in biofilm-derived cells of *Listeria monocytogenes* in food and gastric models
Raquel Nogueira Fuertes, IIM-CSIC, Vigo
- 16:10-16:20 **OS6-05.** Identificación y caracterización de microorganismos proteolíticos en ambiente lácteo
Marta Lozano Oliván, IPLA-CSIC, Oviedo
- 16:20-16:30 **OS6-06.** Biosurfactantes de cepas de *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp. con potencial antimicrobiano frente a patógenos de entornos alimentarios
Alberto Aragón Ramírez, Universidad Complutense de Madrid

16:30

Programa social: Visita a empresa del sector

📍 Llagar Trabanco

21:30

Cena de clausura

📍 Tierra Astur, Poniente

Jueves, 17 de septiembre

10:00

Mesa redonda

📍 Sala Anfiteatro

Microbiología de los Alimentos en la Era Digital

Moderador Victor Ladero Losada, IPLA-CSIC, Oviedo

Ponentes:

Dra. Eva Balsa Canto, IIM-CSIC, Vigo

Dr. Carlos Sabater Sánchez, IPLA-CSIC, Oviedo

D. Enol Junquera Álvarez, Universidad de Oviedo

11.30

Pausa café

📍 Sala Asturias

12:00

Acto de clausura

📍 Sala Anfiteatro

Parlamentos

Entrega de premios:

12:00-12:15 **Premio a la mejor Tesis Doctoral 2024 en Microbiología de los Alimentos:**
Coral Barcenilla Canduela, Universidad de León

12:15-12:30 **Premio a la mejor Tesis Doctoral 2025 en Microbiología de los Alimentos:**
Claudia Rendueles Martínez, IPLA-CSIC, Oviedo

12:30-13:00 **Conferencia de clausura: Retos computacionales para vislumbrar el lado oculto del microbioma en la cadena alimentaria.** Premio Especial del Grupo de Microbiología de los Alimentos al mejor Joven Investigador 2026
Narciso Martín Quijada, IBFG-USAL, Salamanca



CONFERENCIAS





Conferencia Inaugural

Design of microbial solutions for sustainable and healthy fermented food: perspectives & challenges

Dr. Stéphane Chaillou

INRAE, MICALIS Institute, Food Microbial Ecology Research Lab, Paris-Saclay University, Jouy-en-Josas, France

Summary

The transition toward sustainable, healthy fermented foods requires moving beyond empirical fermentation practices to the rational design of microbial communities. During the talk, I will present a synthetic ecology framework that combines microbial genomics, multi-omics, genome-scale metabolic modelling (GSMM), and iterative experimental validation to develop knowledge-driven microbial solutions for food fermentation.

This strategy relies on the comprehensive characterization of food microbial biodiversity, assembling curated collections of non-redundant natural strains that maximize functional diversity while remaining compatible with regulatory frameworks. Genome- and metagenome-scale metabolic models are used to predict metabolic complementarity, microbial interactions, and community dynamics, enabling the rational assembly of tailored microbial consortia. These predictions are continuously refined through Design-Build-Test-Learn (DBTL) cycles integrating high-throughput micro-fermentation, factorial experimental designs, metagenomics, metabolomics, ecological network analysis, and sensory evaluation. A large set of experimental designs can help in such approaches such as knock-in/knock-out strategies to understand epistasis phenomena or digital-twin fermentations for studying evolutionary dynamics. In parallel, Food Microbiome Metabolic Modules (F3M) platform was created to facilitate functional annotation and predictive engineering of food microbiomes.

Few examples from National and European project coordinated by our team will be shown to illustrate the use of such design framework.

Beyond improving fermentation performance, our framework also aims to incorporate, in the future, health-oriented design by integrating food and gut microbiome data and validating microbial solutions using *ex vivo* health models. This enables the identification of microbial consortia that simultaneously optimize sensory quality, safety, sustainability, and potential health benefits.



Sesión 1, Ponencia 1

Genomics-driven approaches for selecting optimal starter cultures for food fermentation processes

Prof. Dr. Stefan Weckx

Research Group of Transdisciplinary Agrifood Studies, Faculty of Sciences and Bioengineering Sciences, Vrije Universiteit Brussel, Brussels, Belgium

Summary

Fermented foods harbour a rich diversity of microorganisms, including lactic acid bacteria, acetic acid bacteria, and yeasts. These microorganisms thrive on matrix-dependent substrates, which they convert into a wide range of metabolites that contribute to the distinctive characteristics of fermented products, including their sensory properties and potential health benefits.

Over the years, our research group has investigated various spontaneously fermented foods and beverages, including cocoa and sourdough. These studies have focused on identifying the microbial species responsible for key ecosystem functions and on phenotypically characterising isolated strains to assess their suitability as functional starter cultures, with the aim of enabling controlled fermentation processes that ensure the development of specific characteristics in the resulting fermented food products.

Advances in next-generation sequencing technologies have made whole-genome sequencing of large numbers of strains both accessible and cost-effective. This has provided unprecedented insights into the genetic basis of functional properties and ecosystem dynamics, as well as the factors conferring competitive advantages on certain strains. Such knowledge supports the rational selection of functional starter cultures, thereby facilitating the development of well-controlled, targeted fermentation processes that enhance product quality, consistency, and functionality.



Sesión 1, Ponencia 2

Dinámica poblacional de levaduras durante la fermentación del vino desde una perspectiva de invasión ecológica

Dr. Javier Ruiz

Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

Resumen

La fermentación del vino se interpreta como un proceso en el que *Saccharomyces cerevisiae* desplaza eficazmente a las levaduras del mosto de uva hasta convertirse en la especie dominante. Sin embargo, las fermentaciones lentas o paradas de fermentación, así como la frecuente necesidad de reinocular elevadas dosis de cepas industriales, sugieren que su dominancia no siempre está garantizada y que depende en gran medida de su interacción con la microbiota y las condiciones fisicoquímicas del mosto. En este trabajo se abordó la dinámica poblacional de las levaduras durante la fermentación desde el marco conceptual de la ecología de invasiones, considerando la inoculación de *S. cerevisiae* como una invasión sobre las comunidades microbianas de la uva. Utilizando una cepa de *S. cerevisiae* marcada con GFP, se realizaron co-inoculaciones junto con diversas comunidades aisladas de mostos de uva, cuantificando su implantación mediante citometría de flujo y relacionando el resultado de la invasión con la composición taxonómica y las características funcionales de las comunidades residentes. Se observó que la invasibilidad de las comunidades varía notablemente, desde escenarios de rápida dominancia de *S. cerevisiae* hasta comunidades con una elevada resistencia a la invasión. Además, la generación de un paisaje experimental formado por las 256 combinaciones posibles de ocho comunidades reveló que las interacciones emergen también a nivel de comunidad, permitiendo cuantificar la contribución de cada una de ellas y predecir cómo su combinación determina la invasibilidad de la comunidad resultante. En conjunto, este trabajo pone de manifiesto que la implantación de *S. cerevisiae* durante la fermentación constituye una propiedad emergente de la interacción entre el inóculo y la comunidad residente. La aplicación del marco conceptual de la ecología de invasiones proporciona así una perspectiva útil para comprender la variabilidad fermentativa y contribuir al diseño de estrategias de inoculación más robustas en la industria enológica.



Sesión 2, Ponencia 1

Advanced approaches for the safety evaluation of microorganisms intentionally introduced into the food chain

Prof. Dr. Pier Sandro Cocconcelli

Institute of Advanced Science for Agriculture, Jolanda di Savoia (FE), Italy

Summary

Bacteria, yeasts, and filamentous fungi have long been used in food systems, where they act as key players in food and feed fermentation and contribute substantially to the quality and safety of final products. They are also widely used as probiotics for humans and animals, as plant biostimulants and biopesticides, and in the biotechnological production of a broad range of fermentation-derived products used in food, including enzymes, amino acids, and vitamins.

Traditionally, the safety of these microbial cultures has been supported by their “long history of safe use.” However, this conventional approach is increasingly being called into question. Emerging concerns, including the development and dissemination of acquired antimicrobial resistance, natural microbial evolution, and the creation of novel strains through new genomic techniques such as genome editing, highlight the limitations of relying solely on historical use as a guarantee of safety.

These developments underscore the need for updated and more rigorous risk assessment strategies to ensure the continued safe use of microorganisms in modern food systems. In recent years, the European Food Safety Authority (EFSA) has developed updated guidance to support the risk assessment of microorganisms intentionally added to food systems. This guidance also includes novel frameworks for evaluating microorganisms developed through genome editing technologies. In addition, EFSA has issued guidance outlining both general criteria and specific methodologies for assessing the safety of microbial cultures. Key elements include the use of whole genome sequencing data to detect acquired antimicrobial resistance determinants and potential virulence factors, thereby strengthening a more robust and science-based approach to safety evaluation. Furthermore, criteria have been defined for conducting the environmental risk assessment of microorganisms intentionally released into food systems. These criteria address nine areas of risk, including the assessment of persistence and invasiveness, selective advantage, horizontal gene transfer and effects on target and non-target organisms. These approaches are now of great relevance in anticipation of the adoption of the European Biotech Act, currently under development, which is expected to define the conditions for the use of engineered microorganisms in open environments. Examples of microorganisms, including non-genetically modified, genetically modified, and CRISPR-Cas genome-edited strains, will be presented and discussed.



Sesión 2, Ponencia 2

Descifrando la circulación de *Listeria* para reducir los riesgos de contaminación en los sistemas de procesamiento de alimentos

Dr. Juan José Quereda Torres

Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

Resumen

Listeria monocytogenes is a foodborne pathogen associated with dairy products, particularly those made from raw milk. However, the ecological and mechanistic bases underlying the predominance of hypervirulent clones in dairy environments remain poorly understood. We integrate epidemiological, kinetic, microbiological, and multi-omics evidence to provide a unified framework explaining this phenomenon.

Longitudinal surveillance across dairy farms demonstrates that ruminants constitute a reservoir of *L. monocytogenes*, with isolates predominantly belonging to hypervirulent lineage I clones such as CC1 and CC4. These clones are shed in animal faeces and represent a substantial proportion of the circulating population within farms. This observation supports faecal contamination during milking as a possible route driving the presence of hypervirulent clones in dairy products (Palacios-Gorba et al., 2021).

In contrast, experimental growth studies in milk reveal that hypervirulent clones do not exhibit a fitness advantage under refrigeration conditions. Instead, hypovirulent clones (e.g., CC9 and CC121) often display faster growth and adaptation at 4 °C. Proteomic analyses showed CC-specific protein expression patterns in milk at 4 °C (Espí-Malillos et al., 2025a). Moreover, the native raw milk microbiota follows a strong time-dependent dynamic dominated by psychrotrophs such as *Pseudomonas*, independent of *L. monocytogenes* contamination or virulence profiles (Espí-Malillos et al., 2025b).

Functional analyses show that virulence determinants impose differential fitness trade-offs in milk matrices: activation of PrfA reduces bacterial fitness, whereas LIPI-3 does not impair growth and may confer ecological advantages. Importantly, commonly used surrogate *Listeria* species fail to reproduce *L. monocytogenes* behaviour in milk, highlighting limitations in current predictive models (Espí-Malillos et al., 2025c).

Altogether, these results indicate that the predominance of hypervirulent clones in dairy products is driven by farm-level ecology and faecal contamination, rather than superior growth in milk. This conceptual shift has implications for risk assessment and targeted control strategies in dairy production systems.

Palacios-Gorba et al., 2021. Environmental Microbiology doi: 10.1111/1462-2920.15860.

Espí-Malillos et al., 2025a. Microbes Infect. doi: 10.1016/j.micinf.2024.105312.

Espí Malillos et al., 2025b. Food Res Int. doi: 10.1016/j.foodres.2024.115637.

Espí Malillos et al., 2025c. NPJ Sci Food. doi: 10.1038/s41538-025-00658-7.



Sesión 3, Ponencia 1

An Assessment of the impact of selected emerging thermal and non-thermal technologies on microbial inactivation

Prof. Dr. James G. Lyng

School of Agriculture and Food Science, University College Dublin, Belfield, Dublin 4, Ireland

Summary

Heating, cooling and dehydration have been used for food preservation since prehistoric times and while major advances in their scientific understanding and industrial application have since occurred, they remain the dominant physical preservation methods used today. To date, no single emerging technology has displaced these established approaches. Nevertheless, since 1990 there has been an unprecedented expansion in research on emerging thermal and non-thermal preservation technologies. A Web of Science search combining *microbial inactivation* with microwave, radio frequency, ohmic heating, ultraviolet light, ultrasound, pulsed electric fields or high-intensity pulsed light identified approximately 3,000 publications, demonstrating the substantial scientific interest in this field.

This presentation provides a critical overview of this body of work by examining publication trends for each technology, their proposed mechanisms of microbial inactivation, the principal microorganisms investigated, and the food matrices to which these technologies have been applied. Building on this analysis, it considers whether these technologies should still be regarded as *emerging* or whether some have now matured into commercially established processing methods.

The presentation also evaluates claims that these technologies support greener food processing through reduced energy and water consumption, improved process efficiency, compatibility with biorefinery concepts, and the production of safe, high-quality foods. These claims will be explored using comparative case studies of selected industrial applications. Finally, the roles of key stakeholders—including industry, regulators and consumers—will be discussed, together with the European regulatory landscape, including the relevance of Novel Food legislation where applicable. The presentation concludes by considering the future prospects for these technologies and identifying the scientific, regulatory and commercial challenges that must be addressed to enable their wider adoption by the food industry.



Sesión 3, Ponencia 2

Caracterizar, predecir, decidir: el papel de la microbiología predictiva para la toma de decisiones en tecnologías emergentes

Dra. Sara Bover Cid*

Programa de funcionalidad y seguridad alimentarias, IRTA, Finca Camps i Armet, 17121 Monells, Girona
*sara.bovercid@irta.cat

Resumen

La demanda de alimentos menos procesados y la transición hacia sistemas alimentarios más sostenibles impulsan el desarrollo de tecnologías emergentes para el control de microorganismos patógenos y alterantes. Algunas, como las altas presiones hidrostáticas, cuentan con aplicaciones industriales consolidadas, mientras que otras, como los campos eléctricos pulsados o el plasma no térmico, se encuentran en fases de maduración tecnológica. Sin embargo, generar evidencia científica que permita demostrar y comparar su eficacia sigue representando un reto importante.

La microbiología predictiva proporciona un marco cuantitativo para transformar datos experimentales en herramientas útiles para la toma de decisiones. Tradicionalmente, la caracterización de tecnologías de procesamiento y conservación se ha basado en el desarrollo de modelos matemáticos primarios y secundarios que describen el comportamiento microbiano y el efecto de los factores de proceso/producto sobre la respuesta observada. La eficacia de estas tecnologías depende de múltiples fuentes de variabilidad relacionadas con el tratamiento, diversidad de los microorganismos y su estado fisiológico, propiedades del alimento y diferencias metodológicas para cuantificar el comportamiento microbiano y caracterizar el proceso. Además, la complejidad de algunas tecnologías y la heterogeneidad de los estudios dificulta la comparación entre estudios, limita la reutilización de los datos y añade incertidumbre, planteando nuevas necesidades metodológicas.

La conferencia ilustrará cómo diferentes aproximaciones cuantitativas pueden contribuir a caracterizar, predecir y apoyar la toma de decisiones. Los enfoques de meta-regresión global permiten integrar datos de la literatura científica para identificar factores determinantes, desarrollar modelos para evaluación del riesgo y benchmarking, y establecer condiciones de proceso capaces de alcanzar objetivos de seguridad definidos. Complementariamente, los estudios experimentales específicamente diseñados permiten profundizar en factores insuficientemente representados en la literatura y generar conocimiento para validar y refinar las predicciones. Finalmente, se discutirá el papel de estas aproximaciones en la ciencia regulatoria y la gestión de la seguridad alimentaria.

Palabras clave: microbiología predictiva, tecnologías emergentes, meta-analysis, evaluación del riesgo, herramientas para la toma de decisiones.

Financiación: Este trabajo de investigación es parte del proyecto de I+D+i PID2022-137009OR-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033.



Sesión 4, Ponencia 1

Microbiota and gut health: research and innovation

Dr. David Pérez Pascual

Danone Research & Innovation, Paris-Saclay, France

Resumen

The gut microbiota is a central determinant of human health, contributing to key physiological functions such as immune regulation, metabolism, and maintenance of intestinal barrier integrity. Advances in microbiome science have highlighted the complexity of host–microbe interactions and the importance of developing strategies to modulate this ecosystem in a targeted and evidence-based manner. In this context, Danone Global Research & Innovation is committed to advancing scientific knowledge of the gut microbiome and translating it into nutritional solutions that can benefit populations across life stages.

This ambition is supported by a science-based and integrated use of “biotics”, encompassing prebiotics, probiotics, synbiotics, and postbiotics. These complementary approaches provide multiple mechanisms to interact with the gut ecosystem: prebiotics selectively stimulate beneficial microorganisms, probiotics deliver live microbes with demonstrated physiological effects, synbiotics combine both to enhance efficacy, and postbiotics rely on inactivated microorganisms or their bioactive components to offer targeted benefits with improved stability and safety profiles. Rather than being considered independently, these different biotics are increasingly viewed as a coherent toolbox to modulate microbiota composition, activity, and downstream health outcomes.

Building on this foundation, Danone is moving toward a broader, microbiome-driven approach that goes beyond individual ingredients to embrace the complexity of the gut ecosystem. Through initiatives such as the OneBiome platform, the company is developing a holistic understanding of the microbiome by integrating microbiology, clinical research, and data science, including large-scale microbiome datasets and advanced analytical tools. This systems-level perspective enables the identification of microbiome signatures associated with specific physiological states and supports the design of more precise and personalized nutritional interventions.

By integrating fundamental research, clinical studies, and product development, Danone fosters a holistic approach at the interface of microbiology and nutrition. This enables the translation of cutting-edge science into accessible, evidence-based solutions that support gut health and contribute to improving overall well-being at population scale, to fulfill our mission of bringing health through food to as many people as possible.



Sesión 4, Ponencia 2

Expresión heteróloga en bacterias lácticas como herramientas moleculares para la producción eficiente y sostenible de compuestos bioactivos en alimentos

Dr. Jose María Landete

Centro Nacional de Investigaciones Agrarias INIA-CSIC, Madrid, España

Resumen

Las bacterias lácticas (BAL) son utilizadas en la producción de compuestos bioactivos, en alimentos gracias a su capacidad de adaptación. Sin embargo, en muchas ocasiones las BAL no pueden producir los compuestos bioactivos que nos interesan o los producen en bajas concentraciones. Así, la expresión heteróloga en BAL se ha convertido en una herramienta valiosa para la producción eficiente y sostenible de compuestos bioactivos en alimentos.

Nosotros comenzamos con la expresión heteróloga de genes de proteínas fluorescentes en cepas de BAL, lo que nos permitió desarrollar una amplia gama de vectores de expresión (promotores constitutivos e inducibles, con péptidos señal o secuencia de anclaje a membrana, o con diferentes genes de resistencia y vectores de grado alimentario). Esta amplia gama de vectores ha sido fundamental para la expresión heteróloga de genes implicados en la producción de compuestos bioactivos. Así, la expresión heteróloga de genes de glucosidasas, fucosidasas, desmetilasas y deshidrogenasas procedentes de BAL nos ha permitido producir lignanos, isoflavonas y otros flavonoides bioactivos de interés en la salud humana. Posteriormente, los genes *ribG*, *ribB*, *ribA* y *ribH* y los genes *gadB* y *gadC* procedentes *Lactococcus cremoris* MG1363 fueron expresados en diferentes cepas de LAB permitiendo producir bebidas vegetales enriquecidas en riboflavina y ácido γ -aminobutírico (GABA).

Por otro lado, la expresión heteróloga fue también utilizada para expresar proteínas de genes que no están presentes en bacterias lácticas. Así, compuestos bioactivos tales como el equol y el hidroxiequol, pudieron ser producidos gracias a la expresión heteróloga de los genes *dzr*, *ddr*, *dhdr* y *tdr* de *Slackia isoflavoniconvertens*.

En la actualidad, nuestro grupo está centrado en la expresión heteróloga de genes de enzimas implicadas en la producción de vitaminas, neurotransmisores y fitoestrógenos bioactivos utilizando estrategias de expresión heteróloga que permitan la eliminación del material genético procedentes de OMGs con el objetivo de que estos alimentos puedan ser comercializados.



Sesión 5, Ponencia 1

Understanding, predicting and evolving interactions in defined microbial consortia: developing tools for biotechnology

Dra. Rinke van Tatenhove-Pel

Delft University of Technology, Delft, The Netherlands

Summary

Microbial consortia are central to life, driving the functionality and stability of ecosystems ranging from global nutrient cycles to the human gut. Industrial biotechnology traditionally relied on engineered monocultures to convert simple sugars into products. A current push toward cheaper, more sustainable, and chemically complex feedstocks meets limitations associated with the use of such “superbugs”. Here, (defined) microbial consortia might provide a valuable alternative. However, very little is still known and understood about how, why and in which conditions microorganisms interact with each other.

In this presentation, I will discuss two topics related to microbial interactions in defined co-cultures. The first part focuses on predicting microbial interactions. I will show how growth in spatially structured environments combined with FACS sorting allows us to predict interactions between microorganisms in a consortium. The second part focusses on evolution of microbial consortia in spatially structured environments. We will look at *Lactococcus cremoris* strains and identify in which conditions growth in spatially structured environments can enrich for cooperative interactions. Together, these examples show how we can develop tools that can be used in biotechnology to understand, predict, evolve and improve fermentation processes.



Sesión 5, Ponencia 2

Aplicaciones biotecnológicas bacterianas en la cadena alimentaria: revalorización de lactosuero

Dra. Patricia Ruas-Madiedo

Instituto de Productos Lácteos de Asturias IPLA-CSIC, Oviedo, España

Resumen

El lactosuero es el principal subproducto generado en la elaboración de quesos y supone un residuo altamente contaminante por su rica composición en macro y micronutrientes. Sin embargo, su alto valor nutritivo constituye una oportunidad para su reutilización en la cadena alimentaria. La aplicación biotecnológica de microorganismos, tanto mediante procesos fermentativos controlados para producir nuevos alimentos, como su uso como factorías celulares para generar ingredientes alimentarios específicos, son estrategias que favorecerían la circularidad de este subproducto.

En este sentido, hemos evaluado la capacidad de bacterias lácticas utilizadas como cultivos en la producción de diversos productos lácteos, para fermentar lactosuero con el objetivo de generar nuevos alimentos con características organolépticas óptimas. Esta aproximación puede constituir una oportunidad para favorecer su circularidad en las propias queserías que lo generan, principalmente en las artesanales para las que supone un alto coste económico la gestión del residuo.

Por otro lado, algunos microorganismos son capaces de modificar componentes de la matriz alimentaria, como la proteína, para generar en este caso péptidos de pequeño tamaño, denominados bioactivos, con diversas funciones biológicas positivas. Estos péptidos pueden contribuir a mejorar la salud humana y, al mismo tiempo, la aplicación de microorganismos con un sistema proteolítico capaz de generarlos puede contribuir a la salud del planeta al optimizar la reutilización del suero lácteo. En este último caso, estamos caracterizando fermentaciones espontáneas de distintos tipos de lactosuero y aislando especies con estatus QPS (lactococos y lactobacilos) para generar alimentos funcionales enriquecidos en péptidos bioactivos. Pero también estamos estudiando el sistema proteolítico de bacterias lácticas no incluidas en este listado (*Enterococcus faecalis*), así como bacterias no lácticas (*Kocuria rhizophila* y *Staphylococcus equorum*) y levaduras con alta capacidad proteolítica (*Yarrowia lipolytica*) aisladas del ambiente quesero. Con estas aproximaciones biotecnológicas pretendemos valorizar este subproducto generado en grandes cantidades a nivel mundial.



COMUNICACIONES ORALES





OS1-01

Diferenciación microbiológica de quesos tradicionales con DOP tecnológicamente análogos mediante metabarcoding: identidad biológica frente al efecto quesería

Merchán, A.V.^{1,2*}, Román, Á.C.³, Ruiz-Moyano, S.^{1,2}, Vázquez-Hernández, M.^{1,2}, Cabañas, C.M.^{1,2}, Benito, M.J.^{1,2}

Afiliaciones: ¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Nutrición y Bromatología, Escuela de Ingenierías Agrarias, Universidad de Extremadura, Avda. Adolfo Suárez s/n, 06007 Badajoz, España; ²Instituto Universitario de Investigación de Recursos Agrarios (INURA), Universidad de Extremadura, Avda. de la Investigación s/n, 06006 Badajoz, España; ³Departamento de Bioquímica, Biología Molecular y Genética, Facultad de Ciencias, Universidad de Extremadura, Avda. de Elvas s/n, 06071 Badajoz, España.

*avmerchan@unex.es

Resumen

La ecología microbiana de los quesos artesanales de pasta blanda es el factor determinante de su calidad y tipicidad. En Extremadura, las DOP 'Torta del Casar' y 'Queso de la Serena' comparten una base tecnológica similar: uso de leche cruda de oveja, coagulante vegetal (*Cynara cardunculus* L.) y un proceso de maduración con un mínimo de 60 días. Esta convergencia tecnológica plantea un reto para la diferenciación del producto, haciendo que el estudio de sus comunidades microbianas mediante secuenciación masiva (metabarcoding de los genes 16S rRNA e ITS) sea la vía para comprender su identidad biológica y garantizar su protección. Este estudio representa la primera caracterización mediante técnicas ómicas (High-throughput sequencing) en estos quesos, superando las limitaciones de estudios previos basados exclusivamente en métodos cultivo-dependientes. Los resultados revelaron que la microbiota bacteriana es el marcador diferencial entre ambos quesos. Cada DOP presentó una microbiota dominante: *Lactococcus lactis* y *Leuconostoc mesenteroides* dominaron en 'Torta del Casar', mientras que en 'Queso de la Serena' predominó *Leu. mesenteroides* junto a *Lc. raffinolactis*. Como microbiota subdominante destacaron bacterias lácticas de los géneros *Enterococcus* y *Lactocaseibacillus*, y Gram-negativos como *Hafnia alvei/paralvei* y algunas especies de *Pseudomonas*. En este ámbito bacteriano, se observó un marcado "efecto quesería", donde la microbiota de las instalaciones y de las materias primas moldeó perfiles específicos en cada quesería, influyendo más que el tiempo de maduración. Por el contrario, la microbiota mostró una gran homogeneidad, sin observarse una separación clara por DOP ni por quesería. Las poblaciones fúngicas estuvieron dominadas de forma transversal por *Yarrowia alimentaria*, *Y. lipolytica*, *Kluyveromyces lactis* y *Pichia fermentans*, con presencia subdominante de *Debaryomyces hansenii*, *D. vindobonensis* y *Geotrichum candidum*. Este estudio constituye la primera base de datos exhaustiva sobre la compleja microbiota de estos quesos, permitiendo establecer una línea de base necesaria para futuras investigaciones sobre la correlación entre taxones específicos y parámetros fisicoquímicos. Asimismo, este conocimiento abre la puerta a la futura selección dirigida de microorganismos autóctonos (dominantes y subdominantes). Dado que los reglamentos ambas D.O.P. limitan el uso de cultivos iniciadores o adjuntos, la identificación de esta microbiota "in house" es fundamental para el diseño de cultivos iniciadores o adjuntos que permitan controlar proactivamente algunos defectos asociados a estos quesos tradicionales, garantizando la estabilidad biotecnológica y aumentando la competitividad de las queserías mediante el uso de sus recursos genéticos locales.

Palabras clave: Metabarcoding, Quesos de pasta blanda, DOP, Microbiota autóctona

Financiación: Cofinanciada al 85% por la Unión Europea, Fondo Europeo de Desarrollo Regional, y la Junta de Extremadura. Autoridad de Gestión. Ministerio de Hacienda (GR24164).



OS1-02

Evaluación del estado higiénico-sanitario de una empresa elaboradora de aceituna de mesa mediante análisis metataxonómico

López García E^{1*}, Benítez Cabello A¹, Martín Arranz V¹, Valero E², Caballero Guerrero B¹, Romero Gil V¹, Rodríguez Gómez F¹, Garrido Fernández A¹ & Arroyo López F N¹

Afiliaciones: ¹Departamento de Biotecnología de Alimentos. Instituto de la Grasa (CSIC). Ctra. Utrera, km 1. Campus de la Universidad Pablo de Olavide, edificio 46. 41013. Sevilla.

²Departamento de Biología Molecular e Ingeniería Bioquímica, Universidad Pablo de Olavide, Ctra. Utrera, km 1, 41013. Sevilla.

*elopez@ig.csic.es

Resumen

La aceituna de mesa es el vegetal fermentado más importante en los países de la cuenca mediterránea. En las últimas cinco campañas, ha alcanzado una producción mundial media de 2,8 millones de toneladas anuales. España es el principal productor de aceitunas de mesa, con cerca del 20 % de la producción mundial. Este producto se considera microbiológicamente seguro debido al bajo pH y a la concentración de NaCl que se alcanzan durante la fermentación. Sin embargo, en determinados formatos no tratados térmicamente y en ausencia de medidas higiénicas adecuadas, puede existir un riesgo para la salud de los consumidores, asociado principalmente a la presencia de *Clostridium*, *Listeria* o *Staphylococcus*. Asimismo, la proliferación de grupos microbianos, como propionibacterias, enterobacterias, *Pseudomonas* o *Celerinatantimonas*, puede provocar el deterioro del producto y fermentaciones anómalas. Se estima que entre un 2 % y un 5 % de la producción podría verse afectada por estas alteraciones microbianas. Por otro lado, en los últimos años, se ha puesto el foco en los alimentos con altas concentraciones de sal, como es el caso de la aceituna de mesa, que puede alcanzar entre 2 y 3 g de sal por cada 100 g de pulpa. En este contexto, muchas empresas buscan reducir los niveles de sodio, lo que, a su vez, podría aumentar el riesgo de alteraciones durante la fermentación. Por tanto, se debe prestar mayor atención a las condiciones higiénico-sanitarias durante el procesado de las aceitunas de mesa. El objetivo de este estudio es obtener una visión general del estado higiénico-sanitario de empresas del sector de la aceituna de mesa. Para ello, se ha llevado a cabo un muestreo en una empresa productora de aceitunas verdes estilo español. Las muestras se dividieron en función de la zona/etapa del proceso y según su tipología. Se realizó la extracción y purificación del ADN y, posteriormente, la secuenciación de amplicones mediante tecnología Oxford Nanopore. Los géneros más abundantes fueron *Lactiplantibacillus*, *Staphylococcus*, *Streptococcus* y *Lentilactobacillus*. En cuanto a los resultados preliminares, destaca una mayor diversidad alfa en las muestras procedentes de superficies, mientras que la menor diversidad se observó en las muestras de ingredientes. La prueba PERMANOVA confirmó la existencia de diferencias significativas entre muestras procedentes de diferentes zonas de procesado, así como entre muestras de distinta tipología. Además, a partir de un análisis multinivel, se identificaron los géneros predominantes en cada zona de procesado.

Palabras clave: Aceituna de mesa, análisis metataxonómico, calidad y seguridad, secuenciación masiva.

Financiación: Estudio financiado por el Gobierno de España a través del proyecto Olivesafe (PID2022-137720OB-I00, MCIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE) y por la Comisión Europea – NextGenerationEU – a través del programa Momentum del CSIC: Desarrolla tu talento digital, con el número de referencia MMT24-IG-01.



OS1-03

Variación de la micobiota del maíz bajo diferentes escenarios meteorológicos

Vicens-Sans, A., Molino, F., Costa, J.C.C.P., Marín, S., Ramos, A.J. *

Unidad de Micología Aplicada, Departamento de Tecnología, Ingeniería y Ciencia de Alimentos, AGROTECNIO-CERCA Centre. Universitat de Lleida, Av. Rovira Roure 191, 25198, Lleida.

*antonio.ramos@udl.cat

Resumen

El cambio climático está remodelando las comunidades fúngicas asociadas al maíz, generando nuevos riesgos para la seguridad alimentaria y la productividad de los cultivos. Veranos más cálidos y secos favorecen a los hongos xerófilos, mientras que condiciones más húmedas promueven a los hidrófilos. Se ha analizado la micobiota del maíz recién cosechado en Lleida y Huesca durante las campañas 2023 y 2024, evaluando la influencia de las condiciones meteorológicas y del tipo de grano sobre la incidencia de hongos. Se examinaron 91 muestras de distintos cultivares mediante técnicas de identificación morfológica y molecular, de las cuales 36 correspondieron a la campaña 2023 y 55 a la de 2024, centrándose principalmente en los géneros *Fusarium* y *Aspergillus*. Los resultados muestran un marcado efecto de la variabilidad meteorológica sobre la micobiota. En 2023, caracterizado por temperaturas más elevadas y condiciones más secas, se observó una co-dominancia de *Fusarium* spp. y *Aspergillus* spp. (~40% de incidencia cada uno). En contraste, en 2024, con mayor humedad y precipitaciones, *Fusarium* incrementó su incidencia (hasta el 61,7%), mientras que *Aspergillus* descendió notablemente (<5%), observándose además una mayor incidencia de otros géneros como *Penicillium*, *Epicoccum* y *Phoma*, lo que sugiere cambios en las interacciones ecológicas y en la competencia entre especies. En conclusión, *Fusarium* mostró una elevada estabilidad ecológica, manteniendo alta incidencia en distintos escenarios ambientales, mientras que *Aspergillus* presentó mayor dependencia de condiciones cálidas y secas. A nivel específico, *Fusarium proliferatum* fue la especie más frecuente, superando a *F. verticillioides*, tradicionalmente dominante en maíz. En 2024 se observó un incremento de especies asociadas a climas más templados y húmedos, como *F. graminearum*. En cuanto a *Aspergillus*, las secciones *Flavi* y *Nigri* presentaron incidencias similares, siendo el grupo *A. flavus/oryzae* el predominante. Es importante destacar que muchas de las especies de *Aspergillus* y *Fusarium* aisladas son potencialmente toxigénicas. El tipo de grano también influyó en la susceptibilidad a la infección: el maíz para palomitas mostró mayor sensibilidad a *Aspergillus*, probablemente debido a diferencias en su composición química y menor presencia de compuestos protectores en el pericarpio. En conjunto, el estudio evidencia que las variaciones meteorológicas pueden modificar la dinámica de las comunidades fúngicas en maíz, alterando los patrones de dominancia y potencialmente el riesgo de micotoxinas, un hecho de relevante importancia en un contexto de cambio climático.

Palabras clave: maíz, micotoxinas, climatología, *Aspergillus*, *Fusarium*.

Financiación: este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades del Gobierno de España (proyecto PID2023-148722OB-I00, financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por el FEDER, UE).



OS1-04

From SNVs to function: integrating genomic variation and regulation for the selection of optimal starter cultures in food fermentations**Samaniego, Gabriela^{1*}; Weckx, Stefan¹**¹Research Group of Transdisciplinary Agrifood Studies, Vrije Universiteit Brussel, Brussels, Belgium.

*gabriela.samaniego@vub.be

Summary

The selection of optimal starter cultures for food fermentation processes increasingly relies on integrating genomic and phenotypic data. In this context, single-nucleotide variants (SNVs) represent a key source of intra-species diversity that can influence microbial functionality. Within the EU-cofounded HealthFerm project, a large collection of bacterial and yeast strains isolated from fermented foods was analyzed to investigate how genomic variation modulates phenotypic traits relevant to plant-based fermentations, including proteolysis, starch transformation, short-chain fatty acid (SCFA) production, exopolysaccharide (EPS) biosynthesis, and vitamin B12 metabolism.

Despite high genomic similarity among strains of the same species (ANI >97%), SNV analysis revealed genetic heterogeneity across strains. These variations arise from evolutionary processes such as mutation accumulation, genetic drift, and niche-specific adaptation under selective pressures present in fermentation environments. In some cases, SNVs introduce high-impact mutations, including premature stop codons, potentially disrupting key metabolic pathways. Such loss-of-function events can be either detrimental or advantageous depending on the targeted application, for example, by reducing undesired metabolic by-products or limiting substrate utilization.

However, genotypic knowledge alone does not fully explain phenotypic diversity. Many metabolic traits are strongly influenced by environmental conditions and regulatory mechanisms. Substrate-dependent responses, such as those found in faba bean and yellow pea flour fermentations by LAB, highlight the role of carbon catabolite repression (CCR) in shaping metabolic outputs independently of genomic variation. Additionally, regulatory elements such as riboswitches play a crucial role in controlling gene expression. In particular, vitamin B12 biosynthesis was found to be modulated by riboswitch-mediated regulation, controlling the expression of genes at different stages of the corrinoïd biosynthesis and transport pathway. The availability of key precursors in the culture medium, such as cobalt and lower ligands including 5,6-dimethylbenzimidazole (DMB), influenced the final corrinoïd profile, promoting either canonical vitamin B12 production or the formation of pseudo-cobalamins in the absence of DMB. This indicates metabolic flexibility in lower ligand incorporation depending on environmental conditions, while at the regulatory level, riboswitches respond to intracellular corrinoïd availability, contributing to the overall pool of vitamin B12 and alternative corrinoïd forms.

These findings demonstrate that the interpretation of SNVs must be integrated with regulatory and environmental contexts. The combined use of genomics, phenotypic assays, and metabolic analysis enables a more accurate identification of strains with desirable technological properties. Ultimately, this integrative approach supports the rational selection of optimized starter cultures tailored to specific fermentation substrates and desired functional outcomes.

Palabras clave: Single-nucleotide variants; Starter cultures; Metabolism; Food fermentation



OS1-05

Análisis de la dinámica de alteración de productos de salmón listos para el consumo mediante secuenciación metagenómica del gen 16S rRNA**Bolívar, Araceli^{1*}, Rabasco-Vílchez, Laura¹, Lucena de Opazo, Andrea¹, Pérez-Rodríguez, Fernando¹**

Afiliaciones: ¹Department of Food Science and Technology, UIC Zoonosis y Enfermedades Emergentes ENZOEM, ceiA3, Universidad de Córdoba, 14014, Córdoba, Spain;

*t12bocaa@uco.es

Resumen

El microbioma alimentario ha sido descrito como un factor clave que determina la vida útil. Estudios recientes han demostrado que perfiles específicos del microbioma están asociados con el deterioro de los alimentos, mientras que otros pueden inhibir comunidades asociadas con alteración y patógenos, mejorando así la estabilidad y seguridad del producto. El objetivo de este estudio fue identificar el perfil taxonómico asociado al deterioro de diferentes productos de salmón listos para el consumo y evaluar la influencia de parámetros abióticos relevantes, en particular la temperatura de almacenamiento y la atmósfera de envasado, mediante un enfoque metataxonómico. Para ello, se adquirieron tres productos de salmón de una industria pesquera: salmón ahumado y salmón marinado (ambos envasados al vacío), y taquitos de salmón ahumado envasados en atmósfera modificada. Los productos se almacenaron durante 30 días bajo dos perfiles dinámicos de abuso de temperatura: uno varió entre 4 y 11 °C (P1), y otro entre 8 y 11 °C (P2). Se incluyeron tres lotes de producción diferentes. El ADN genómico se purificó utilizando el kit DNeasy PowerFood Microbial Kit (Qiagen) siguiendo las instrucciones del fabricante. La amplificación de las regiones variables V3–V4 del gen 16S rRNA, preparación de librerías, secuenciación (Illumina PE250), y los posteriores análisis bioinformáticos y estadísticos fueron realizados por Novogene (Múnich, Alemania). En total, se secuenciaron 84 muestras, generando un total de 8.961.987 lecturas, de las cuales el 94 % se retuvieron tras el filtrado de calidad. A partir de estas lecturas, se identificaron 812 OTUs, con la mayoría de las secuencias asignadas taxonómicamente (>90%). El análisis de diversidad alfa mostró una pérdida global de diversidad microbiana a lo largo del tiempo de almacenamiento, evidenciando una tendencia similar entre productos y perfiles de temperatura. Los datos del microbioma revelaron, en general, que las bacterias del género *Lactobacillus* fueron dominantes (60%) en los productos envasados al vacío (salmón ahumado y salmón marinado) a los 30 días, particularmente bajo el perfil de temperatura más abusivo (P2), mientras que *Weissella* dominó (63%) en los productos envasados en atmósfera modificada (taquitos de salmón). Cabe destacar que *Acinetobacter* y *Pseudomonas*, ambos reconocidos como alterantes en este tipo de productos, mostraron un incremento significativo ($p < 0.05$) en las muestras de salmón marinado almacenadas bajo el perfil de temperatura P2 a los 30 días. Los resultados de este estudio constituyen la base para una evaluación integral sobre cómo los factores abióticos modulan la estructura de las comunidades microbianas y contribuyen a la alteración de productos de salmón listos para el consumo.

Palabras clave: microbioma; alteración; salmón, vida útil, factores abióticos

Financiación: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto BIOMEDPACK (PRIMA-S2-2023/PCI2024-153453) perteneciente al Programa PRIMA, financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea.



OS1-06

Puntos clave para la implementación de la qPCR en el laboratorio de microbiología

Rodríguez, Pilar*

CONDALAB, Torrejón de Ardoz, Madrid

*pilar.rodriguez@condalab.com

Resumen

La reacción en cadena de la polimerasa (PCR), se ha consolidado como una herramienta esencial en microbiología de los alimentos, favoreciendo la transición desde métodos tradicionales hacia técnicas más rápidas, sensibles y específicas. Su principal ventaja radica en la reducción significativa del tiempo de análisis: frente a los métodos basados en cultivo, que pueden requerir varios días, la qPCR permite obtener resultados en pocas horas, facilitando la toma de decisiones en tiempo casi real.

Esta rapidez resulta clave en la gestión de riesgos microbiológicos, ya que permite actuar con mayor agilidad ante posibles contaminaciones, limitando la distribución de productos no conformes y reduciendo el impacto de alertas alimentarias. Además, la alta sensibilidad y especificidad de la qPCR posibilitan la detección de niveles muy bajos de ADN microbiano en matrices complejas, con un elevado valor predictivo negativo que, en muchos casos, elimina la necesidad de confirmaciones adicionales.

La disponibilidad de kits comerciales de qPCR ha contribuido de manera decisiva a simplificar la implementación de esta tecnología en laboratorios de rutina. Estos sistemas están diseñados para ofrecer protocolos estandarizados, reactivos preoptimizados y condiciones de ensayo definidas, lo que reduce significativamente la complejidad técnica asociada al desarrollo de métodos propios. Como resultado, los laboratorios pueden incorporar la qPCR en sus flujos de trabajo sin necesidad de una fase extensa de optimización, facilitando una adopción más rápida y eficiente.

En este contexto, el cumplimiento de normativas como la ISO 16140-2 refuerza la confianza en estos sistemas, ya que establece criterios para la validación de métodos alternativos frente a los de referencia. Esto permite a los laboratorios implementar kits comerciales con respaldo científico y regulatorio, reduciendo las barreras de entrada asociadas a nuevas metodologías.

Para una integración efectiva, la etapa de extracción de ADN es un punto crítico, ya que la presencia de inhibidores puede comprometer el rendimiento del ensayo; por ello, la selección de un kit de extracción adecuado resulta determinante para garantizar resultados fiables.

La estandarización inherente a los kits facilita la formación del personal y reduce la variabilidad entre operadores, lo que resulta especialmente ventajoso en entornos con alto volumen de muestras. Asimismo, la posibilidad de automatizar etapas del proceso, desde la extracción hasta la amplificación, permite optimizar los tiempos de análisis y mejorar la eficiencia global del laboratorio. En conjunto, la qPCR representa una herramienta robusta y adaptable que responde a las crecientes exigencias de rapidez, precisión y fiabilidad en el análisis microbiológico de alimentos.

Palabras clave: qPCR, Seguridad alimentaria, detección rápida



OS2-01

Mejora en la detección y aislamiento de *Vibrio parahaemolyticus* mediante qPCR y separación inmunomagnética

Vélez-Frutos, Laura¹; da Costa-Ribeiro, Ana^{2,3}, Rocha-Grandal, David^{1,2}, Lamas, Alexandre⁴, Garrido-Maestu, Alejandro^{2*}

¹Departamento de Biología Funcional y Ciencias de la Salud, Universidade de Vigo; ²Grupo de Microbiología Ambiental y Alimentaria (MicroSAFE), Instituto de Investigaciones Marinas - CSIC; ³Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Universidad de Vigo; ⁴Laboratorio de Higiene, Inspección y Control de Alimentos, Universidade de Santiago de Compostela

*agarrido@iim.csic.es

Resumen

V. parahaemolyticus es la bacteria que ocasiona el mayor número de casos de diarreas asociadas al consumo de moluscos crudos o poco cocinados. La metodología de referencia para su detección y aislamiento se basa en una aproximación clásica de enriquecimiento y siembra en placa, ISO21872-1:2017. Este procedimiento, aunque fiable, presenta ciertas limitaciones como son su duración, más de 3-4 días para un resultado definitivo; y la subjetividad asociada a la selección de colonias con morfologías típicas. Adicionalmente, se ha descrito que determinadas especies pueden enmascarar la presencia de *V. parahaemolyticus* por crecer más rápido, y/ o mejor, en las condiciones de cultivo especificadas en el método ISO. En este trabajo se desarrolló un nuevo sistema de detección de *V. parahaemolyticus* que, incluyendo una etapa de separación inmunomagnética (IMS), permite su detección por debajo de 10 UFC/ 25 g en un único día de trabajo (< 7 h) incluyendo enriquecimiento, extracción y detección mediante qPCR. Para la etapa de IMS se utilizó una combinación de anticuerpos policlonales, que permitió no solo concentrar *V. parahaemolyticus*, sino también reducir la cantidad de bacterias interferentes que crecieron en los medios selectivos y diferenciales. El protocolo de IMS permitió un aumento de ~50% el número de muestras con aislados positivos de *V. parahaemolyticus* con variaciones asociadas al tipo de medio sólido selectivo utilizado para sembrar los concentrados de partículas, TCBS o Chromagar Vibrio.

Finalmente, el nuevo método se evaluó frente a un panel de 10 muestras de mejillón sin depurar que previamente había reportado valores positivos para *V. parahaemolyticus* mediante qPCR siguiendo el método ISO 21872-1:2017, pero de las cuales no había sido posible obtener aislados. Las muestras seleccionadas reportaron los mismos resultados positivos por qPCR, con una reducción significativa en el tiempo de análisis, <7 h vs 24h, y además se consiguió el aislamiento de *V. parahaemolyticus* en una de las muestras del panel. Trabajos futuros se centrarán en protocolos adicionales para reducir la interferencia de otras especies que, junto con el descrito aquí, permitan mejorar aún más el aislamiento de este patógeno en muestras con alta carga microbiana acompañante.

Palabras clave: *Vibrio parahaemolyticus*, qPCR, separación inmunomagnética, métodos rápidos, *Mytilus galloprovincialis*

Financiación: Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (iPAMUS, 389 PID2023-149825OA-I00) y Xunta de Galicia (ISCE, GAIN IN607A 2024/07)



OS2-02

Conexión resistencia antimicrobianos AMR-CSIC

García, P^{1*}, AMRHubCSIC network²

¹IPLA-CSIC; ²AMRHubCSIC;

*pgarcia@ipla.csic.es; conexion-amr@csic.es; torre@inia.csic.es; amarina@ibv.csic.es

Resumen

La Conexión de Resistencia a Antimicrobianos (AMR) del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (<https://www.conexion-amr.csic.es/>) es una iniciativa estratégica orientada a abordar uno de los mayores desafíos de salud global: la resistencia a los antimicrobianos. Este fenómeno, impulsado por el uso y abuso de antibióticos en medicina humana, veterinaria y agricultura, compromete la eficacia de los tratamientos y pone en riesgo avances fundamentales de la medicina moderna. En este contexto, la Conexión AMR surge como una plataforma integradora que promueve la colaboración interdisciplinaria y la generación de conocimiento para combatir este problema desde una perspectiva integral. La iniciativa se basa en el enfoque “Una Salud” (*One Health*), que reconoce la interdependencia entre la salud humana, animal y ambiental. Bajo este marco, la Conexión AMR reúne a grupos de investigación de diversas áreas —como microbiología, biomedicina, biotecnología, ciencias ambientales, química y bioinformática— con el objetivo de fomentar sinergias y desarrollar soluciones innovadoras. Esta red facilita la coordinación de esfuerzos científicos, evitando la fragmentación y potenciando el impacto de las investigaciones. Entre sus principales objetivos se encuentran la identificación de nuevos mecanismos de resistencia, el estudio de la diseminación de genes de resistencia en distintos ecosistemas, el desarrollo de estrategias alternativas a los antibióticos tradicionales —como fagoterapia, compuestos antimicrobianos innovadores o enfoques de biocontrol— y la mejora de herramientas de diagnóstico y vigilancia. Asimismo, la Conexión AMR impulsa el uso de tecnologías avanzadas, incluyendo la secuenciación genómica y la inteligencia artificial, para analizar grandes volúmenes de datos y predecir patrones de resistencia. Otro pilar fundamental de la iniciativa es la transferencia de conocimiento hacia el sector productivo y las administraciones públicas, contribuyendo al diseño de políticas basadas en evidencia científica. Además, promueve la formación de personal investigador y la divulgación científica, con el fin de aumentar la concienciación social sobre el problema de la resistencia antimicrobiana. En conjunto, la Conexión AMR del CSIC representa un modelo de colaboración científica que integra disciplinas, sectores y enfoques para afrontar de manera eficaz un reto complejo y multidimensional. Su actividad contribuye no solo al avance del conocimiento, sino también al desarrollo de soluciones sostenibles que permitan preservar la eficacia de los antimicrobianos y proteger la salud global.

Palabras clave: antimicrobianos, resistencia, salud global

Financiación: We acknowledge support from the Scientific Network Conexión Antimicrobianos AMR funded by the Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Spain.



OS2-03

Alteración estructural en RpoD asociada a protecciones cruzadas en *Salmonella* Typhimurium

Campillo, R.*, García-Penas, I., Berdejo, D., Pagán, R. y García-Gonzalo, D.

Afiliación: Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, 50013 Zaragoza, España
*rcampillo@unizar.es

Resumen

Introducción: La adquisición de resistencia a ciprofloxacina (CIP) en *Salmonella* Typhimurium puede aumentar su tolerancia a agentes utilizados en la cadena agroalimentaria. Entre las mutaciones implicadas, destaca una inserción en *rpoD* que introduce una alanina en la posición 588. Este gen codifica el factor sigma RpoD, regulador central de la transcripción en bacterias Gram-negativas.

Objetivo: Evaluar el impacto de la mutación en *rpoD* en el transcriptoma y adaptación general de *S. Typhimurium*, utilizando la cepa parental (SeT) y su mutante isogénico portando la mutación (SeT_{rpoD}).

Metodología: SeT_{rpoD} se construyó reemplazando el alelo nativo de *rpoD* por el alelo mutado en SeT. Ambas cepas se trataron térmicamente (54 °C, 10 min) y analizaron mediante RNA-seq antes y después del tratamiento. Se realizaron análisis de expresión diferencial, enriquecimiento funcional, redes de interacción proteína-proteína, y el impacto estructural de la mutación en RpoD *in silico*.

Resultados: En condiciones basales, SeT_{rpoD} mostró una reprogramación transcriptómica respecto a SeT, con 590 genes sobreexpresados y 260 reprimidos ($p < 0,05$), destacando la represión de genes relacionados con la motilidad, adhesión y metabolismo. Tras el tratamiento, SeT presentó una respuesta estructurada, mientras que SeT_{rpoD} una respuesta más atenuada y difusa, sin enriquecimientos funcionales significativos y con redes menos modulares. Este patrón sugiere una redistribución de recursos hacia un estado conservativo, compatible con una tolerancia inespecífica a múltiples estreses. El análisis estructural indicó que la inserción de una alanina en el dominio 4 de RpoD induce cambios locales que podrían afectar su interacción con el DNA (ver **Figura**).

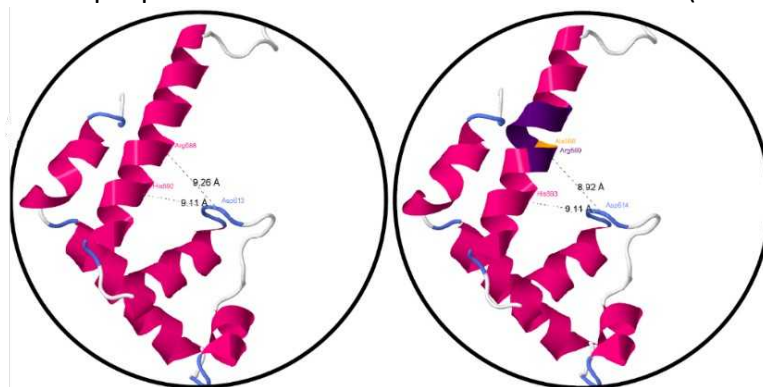


Figura. Comparación estructural del dominio 4 de RpoD nativa (izquierda) y la mutada (derecha).

Conclusión: La mutación en *rpoD* se asocia con una reorganización global de la actividad celular, compatible con una mayor priorización de funciones de supervivencia frente a crecimiento y con un estado de tolerancia amplio y relativamente inespecífico. Este cambio fisiológico podría contribuir a explicar los fenómenos de protección cruzada a estreses descritos previamente en *S. Typhimurium*.

Palabras clave: Resistencia a antibióticos, Seguridad alimentaria, Transcriptómica, Factor sigma 70.



OS2-04

Análisis del microbioma y resistoma de quesos artesanales mediante metagenómica *shotgun*

Balaguer, Livia^{1*}, Merino, Natalia¹, García-Gonzalo, Diego¹, Berdejo, Daniel¹, Pagán, Rafael¹, Espina, Laura^{1,2}

¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (Universidad de Zaragoza-CITA), Zaragoza, Spain ²Fundación Agencia Aragonesa para la Investigación y el Desarrollo (ARAID), 50018 Zaragoza, Spain. *lbalaguer@unizar.es

Resumen

La propagación de la resistencia a antibióticos a través de la cadena alimentaria pone de manifiesto la necesidad de caracterizar tanto el microbioma como el resistoma de los alimentos. En este estudio, se extrajo el DNA de 150 muestras de quesos artesanales del noreste de España y se sometió a secuenciación metagenómica *shotgun* con el objetivo de analizar simultáneamente las comunidades microbianas y los genes de resistencia a antibióticos (GRA).

El análisis taxonómico mostró que *Lactococcus* era el género más abundante, seguido de *Streptococcus*, *Lactocaseibacillus*, *Lentilactobacillus* y *Lactiplantibacillus*, observándose variabilidad entre muestras. A nivel de clase de resistencia, predominaron los genes asociados a multirresistencia, seguidos de macrólido-lincosamida-estreptogramina, bacitracina, tetraciclina y aminoglucósidos. En menor proporción, se detectaron genes de resistencia a beta-lactámicos, polimixinas, quinolonas y cloranfenicol. A nivel de gen, los GRA más abundantes incluyeron *ImrD*, *ImrP*, *emeA*, *bacA*, *qacJ* y *tet(M)*. Destaca la presencia de *tet(M)*, uno de los genes comúnmente asociados a elementos genéticos móviles en bacterias ácido-lácticas (BAL), lo que refuerza su relevancia en la posible diseminación de resistencia en este tipo de alimentos.

Además, el análisis de correlación entre los datos taxonómicos y del resistoma permitió asociar distintos GRA con géneros bacterianos (Figura 1).

Se identificaron asociaciones consistentes con la literatura, como *Enterobacteriaceae* con sistemas de eflujo intrínsecos (*emr*, *mdfA*, *msbA*), *Staphylococcus* con *norA* y *blaZ*, y *Streptococcus* con *mreA*. También se observaron patrones menos esperados, como la presencia de genes *tet* en (BAL), que podrían indicar asociaciones relevantes y requerir estudios adicionales sobre su posible transferencia horizontal durante la elaboración y maduración del queso.

Este enfoque contribuye a mejorar la comprensión de la resistencia a antibióticos en alimentos y permite avanzar hacia análisis más detallados sobre su posible diseminación a lo largo de la cadena alimentaria.

Palabras clave: metagenómica; microbioma; resistoma; queso; genes de resistencia

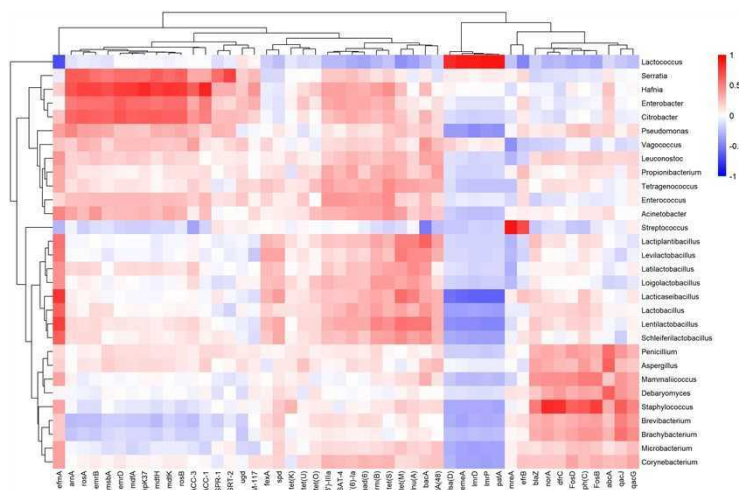


Figura 1. Heatmap de correlación entre géneros bacterianos y genes de resistencia a antibióticos



OS2-05

Evaluación comparativa de tecnologías Illumina y Nanopore en el estudio del resistoma en dos mataderos de porcino

Elena Fernández-Trapote^{1,2*}, Chiara Manfreda³, Sergio Ghidini⁴, José Francisco Cobo-Díaz^{1,2,5}, Avelino Álvarez-Ordóñez^{1,2,5}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, León, España

²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, León, España

³Department of Food and Drugs, University of Parma, Strada del Taglio, 10, Parma 43126, Italy

⁴Department of Veterinary Medicine and Animal Sciences, Milan University, Lodi 26900, Italy

⁵Instituto de Investigación Biosanitaria de León, Universidad de León, León, España

*efert@unileon.es

Resumen

La vigilancia del microbioma y el resistoma en entornos cárnicos es esencial para comprender la transmisión de resistencias a antibióticos a lo largo de la cadena alimentaria. En este estudio se compararon dos tecnologías de secuenciación de nueva generación, Illumina (lecturas cortas) y Nanopore (lecturas largas), para caracterizar el microbioma y el resistoma presentes en diferentes superficies de dos mataderos situados en España e Italia. Se tomaron muestras en cuatro puntos del matadero (suelos y desagües de la zona sucia y de la zona limpia) durante cuatro semanas consecutivas, obteniendo un total de 16 muestras por instalación. Cada muestra fue secuenciada utilizando ambas tecnologías con el fin de evaluar su capacidad para detectar diversidad microbiana y genes de resistencia a antimicrobianos (GRAs).

Las lecturas obtenidas se filtraron según calidad y longitud utilizando Trim Galore (Illumina) y Porechop junto con NanoFilt (Nanopore). Posteriormente, se clasificaron taxonómicamente mediante Kraken2 empleando una base de datos PlusPF modificada. La detección de GRAs se realizó con la base de datos ResFinder, utilizando bowtie2 (Illumina) y blastn (Nanopore). El ensamblaje se llevó a cabo con metaSPAdes (Illumina) y Flye (Nanopore). Los contigs resultantes se alinearon contra ResFinder mediante blastn y se asignaron taxonómicamente siguiendo el mismo procedimiento descrito para las lecturas. Para la identificación de elementos genéticos móviles se emplearon las herramientas Platon, PlasmidFinder, IntegronFinder, MeFinder y Genomad.

La composición bacteriana y de GRAs muestra una alta riqueza en las muestras secuenciadas con Illumina en comparación con Nanopore en todas las superficies analizadas. Aunque el perfil taxonómico del microbioma fue similar entre ambas tecnologías, el perfil del resistoma sí presentó diferencias dependientes de la plataforma de secuenciación. En el caso del resistoma se vio una mayor abundancia relativa de GRAs en las muestras secuenciadas por Nanopore con respecto a las de Illumina, mientras que la diversidad alfa mostró una mayor riqueza y diversidad de las muestras secuenciadas por Illumina. El análisis basado en contigs confirmó esta tendencia, detectándose un mayor número de GRAs en la mayoría de las muestras secuenciadas mediante Nanopore, con una alta incidencia de GRAs localizados en plásmidos.

En conjunto, los resultados muestran que Illumina ofrece mayor riqueza y diversidad de GRAs, mientras que Nanopore detecta una mayor abundancia relativa de GRAs y mayor número de contigs portadores de GRAs. Todo ello, evidencia la complementariedad de ambas tecnologías en la vigilancia del microbioma y del resistoma en la cadena alimentaria.

Palabras clave: Illumina, metagenomas, microbioma, Nanopore, resistoma,

Financiación: Este trabajo fue financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación a través del proyecto nacional MetaResistBugs2 (PID2020-118813GB-I00). EFT recibe un contrato predoctoral (FPU) del Ministerio de Universidades de España.



OS2-06

Impacto de la DANA de 2024 en la persistencia y transferencia de contaminación microbiana en los sistemas agrícolas de la Albufera de Valencia

Alberto Martínez-Alonso^{1*}, Pablo Puchades-Colera², Pilar Truchado¹, Inés Girón-Guzmán², María I. Gil¹, Alba Pérez-Cataluña², Gloria Sánchez², Ana Allende¹

¹Grupo de Investigación en Microbiología y Calidad, de Frutas y Hortalizas, Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 30100 Murcia. ²Laboratorio de Virología Ambiental y Seguridad Alimentaria, Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos (IATA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), 46980 Valencia.

*amalonso@cebas.csic.es

Resumen

Las inundaciones causadas por la DANA de octubre de 2024 depositaron grandes volúmenes de sedimento y agua contaminada en el Parque Nacional de la Albufera de Valencia y en su huerta, suscitando una importante preocupación sobre la persistencia y transferencia de microorganismos patógenos de origen fecal en los cultivos agrícolas. En este estudio se monitorizó la dinámica espacio-temporal de indicadores de contaminación fecal (*Escherichia coli* y colifagos somáticos), así como microorganismos patógenos en sedimento, agua, suelo y productos vegetales cultivados en parcelas agrícolas afectadas por la inundación, entre junio y noviembre de 2025. Los muestreos fueron quincenales en tres tipos de cultivo: arroz, hortalizas de fruto y hortalizas de hoja. Se evaluó, además, la influencia de variables climáticas sobre la persistencia microbiana. Los resultados obtenidos mostraron que las muestras de sedimento y agua presentaron niveles moderados de *E. coli* y colifagos a lo largo del período, con un pico algo más pronunciado en octubre coincidiendo con un episodio de lluvias intensas: entre 1.4 log CFU/g y 2.6 log PFU/g en sedimento, y 1.1 log CFU/mL y 0.6 log PFU/mL en agua. Por el contrario, tanto el suelo como el material vegetal presentaron niveles muy bajos (<0.1 – 0.2 log CFU/g y PFU/g). En ninguna de estas muestras se detectaron colifagos. Asimismo, la presencia de microorganismos patógenos se observó principalmente en muestras de suelo y de forma puntual. En cuanto a las variables climáticas, la temperatura se correlacionó negativamente con *E. coli* y los colifagos en sedimento, agua y suelo, mientras que el aumento de la humedad relativa mínima mostró una correlación positiva con los niveles de ambos indicadores en las tres matrices. La radiación solar influyó negativamente sobre *E. coli* en sedimento y suelo, y sobre los colifagos en sedimento y agua. La velocidad máxima del viento mostró una correlación positiva con *E. coli* en las tres matrices abióticas y con los colifagos en sedimento y agua. Por el contrario, ninguna variable climática mostró una correlación significativa con los indicadores microbiológicos en el tejido vegetal. Las condiciones climatológicas de la zona parecen haber favorecido la inactivación de los microorganismos patógenos inicialmente detectados en el agua y los sedimentos como consecuencia de la DANA. En general, los resultados obtenidos indican que, transcurridos ocho meses desde el episodio de la DANA, la zona agrícola ubicada en el entorno de La Albufera de Valencia puede considerarse de bajo riesgo en términos de contaminación por microorganismos patógenos de origen fecal. Estos resultados subrayan la necesidad de monitorizar simultáneamente todas las matrices para llevar a cabo una evaluación adecuada del riesgo para la seguridad alimentaria en zonas agrícolas afectadas por inundaciones.

Palabras clave: producción primaria, cambio climático, frutas y hortalizas, microorganismos, condiciones climatológicas.

Financiación: This research was supported by funds from PIE202470E237 (Spanish National Research Council, CSIC). The Accreditation as Center of Excellence Severo Ochoa CEX2021-001189-S funded by MCIU/AEI / 10.13039/501100011033 is also fully acknowledged. PPC is supported by a CEX2021-001189-S-20-9 grant. IG-G is a recipient of a predoctoral contract from the Generalitat Valenciana (ACIF/2021/181).



OS3-01

Aplicación industrial de altas presiones hidrostáticas combinadas con tratamiento térmico para el control de *Alicyclobacillus acidoterrestris* y la reducción de la formación de guayacol en zumo**Colás-Medà, P^{1,2*}, Neggazi, I¹, Viñas I¹, Alegre, I¹**

¹Unidad de Biología y Tecnología de Postcosecha, Departamento de Tecnología, Ingeniería y Ciencia de Alimentos, Universitat de Lleida, Centro AGROTECNIO-CERCA (Av. Rovira Roure 191, 25198, Lleida). ²Pla Serra Húnter.

*pilar.colas@udl.cat

Resumen

Alicyclobacillus acidoterrestris es una bacteria acidófila, esporulada y termorresistente capaz de sobrevivir a tratamientos convencionales, como la pasteurización y las altas presiones hidrostáticas (HPP), utilizados en la industria de los zumos. Su relevancia tecnológica radica en la producción de guayacol, un compuesto responsable de olores y sabores anómalos que provocan el rechazo del producto por parte del consumidor. En este contexto, la combinación de HPP con tratamiento térmico se plantea como una estrategia alternativa para su control.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficacia de dos condiciones de HPP (450 y 600 MPa durante 3 min), solas o combinadas con un tratamiento térmico comercial a 85 °C (HPP+T), sobre un cóctel de esporas de cinco cepas de *A. acidoterrestris*, así como su efecto en la formación de guayacol en una mezcla de zumo de naranja y uva durante la conservación. Adicionalmente, se simuló una rotura de la cadena de frío (RCF). Previamente, se estudió el efecto de distintas combinaciones de temperatura y tiempo (25, 30 y 45 °C durante 6, 24 y 72 h) sobre la alteración del zumo para definir las condiciones RCF. Al no observarse diferencias significativas entre condiciones, se seleccionó la exposición más corta a la temperatura óptima para la bacteria (45 °C durante 6 h). Tras los tratamientos, las muestras sometidas únicamente a HPP (450 y 600 MPa) no mostraron reducciones significativas, manteniendo poblaciones cercanas a 5 log ufc/mL, similares al control sin tratamiento. En cambio, la combinación HPP+T (450 o 600 MPa + 85 °C) produjo reducciones significativas, alcanzando valores cercanos a 1 log ufc/mL, lo que evidencia un efecto sinérgico entre presión y temperatura. Durante el almacenamiento, los zumos tratados solo con HPP (30 días a 4 °C) presentaron poblaciones de 4,4 log ufc/mL, y niveles de guayacol por debajo del límite de cuantificación (4 ng/mL). Por el contrario, los tratamientos combinados (HPP+T) mantuvieron poblaciones inferiores a 1 log ufc/mL y ausencia de guayacol tras 90 días a 20 °C. El control sin tratar alcanzó concentraciones de guayacol de 32,1 ± 6,2 ng/mL tras almacenamiento a 20 °C, incrementándose hasta 45,9 ± 11,7 ng/mL tras la RCF. En condiciones refrigeradas con RCF, también se detectó guayacol (4,1 ± 0,3 ng/mL), mientras que en refrigeración constante los niveles se mantuvieron por debajo del límite de cuantificación.

En conclusión, la combinación de HPP con tratamiento térmico constituye una estrategia eficaz para el control de *A. acidoterrestris* y la inhibición de la formación de guayacol, incluso en condiciones de abuso térmico, reforzando su potencial aplicación industrial y permitiendo la conservación del producto a temperatura ambiente.

Palabras clave: alteración, naranja, uva, HPP, pasteurización.

Financiación: Plan estratégico de la PAC 2023-2027 cofinanciado por Generalitat de Catalunya, Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación y Unión Europea (ACC_2023_EXP_SIA001_33_0000062).



OS3-02

Detección no destructiva de aflatoxinas en cacahuete mediante imágenes hiperespectrales y redes neuronales

^{1,2}Nazareth, T, ^{1,2}Ramos, AJ, ^{1,2}Costa, JCCP, ^{1,2}Marín, S*

¹Unidad de Micología Aplicada, Departamento de Tecnología, Ingeniería y Ciencia de Alimentos, Universitat de Lleida; ²AGROTECNIO-CERCA Center, Lleida

*sonia.marin@udl.cat

Resumen

Las micotoxinas son compuestos tóxicos producidos por hongos que contaminan los alimentos, representando un grave riesgo para la salud pública y la economía global debido a su toxicidad crónica y su difícil eliminación de la cadena alimentaria. Su presencia es especialmente crítica en frutos secos, donde su distribución heterogénea dificulta el control de calidad mediante métodos analíticos convencionales.

Este estudio evalúa la eficacia de la tecnología de análisis de imágenes hiperespectrales en el infrarrojo cercano (NIR-HSI) combinada con redes neuronales artificiales (ANN) para identificar granos individuales de cacahuete contaminados de forma natural con aflatoxinas (AFs). A diferencia de investigaciones previas basadas en muestras inoculadas artificialmente con altas concentraciones, este estudio aborda un escenario industrial real caracterizado por niveles de contaminación bajos. Se analizaron mediante el sistema NIR-HSI granos individuales en el rango espectral de 900 a 1700 nm. Para el procesamiento de datos, se aplicó un Análisis de Componentes Principales (PCA) para reducir la dimensionalidad de las imágenes. Se desarrollaron y compararon modelos de clasificación basados en ANN utilizando tres enfoques de preprocesamiento: espectros brutos, primera derivada y segunda derivada de Savitzky-Golay. La arquitectura del modelo se optimizó mediante validación cruzada anidada para asegurar la estabilidad y fiabilidad de las predicciones.

El modelo basado en la segunda derivada mostró el mejor comportamiento, alcanzando una precisión media de 0,9979 y una exactitud global del 91,03%. El análisis espectral identificó diferencias significativas en los valores de reflectancia entre granos contaminados y no contaminados, especialmente entre 1100 y 1350 nm. Estas bandas se asociaron con sobretonos de enlaces C-H y N-H vinculados a la degradación de lípidos, proteínas y carbohidratos, lo que sugiere que el sistema detecta alteraciones bioquímicas en la matriz del fruto causadas por el metabolismo fúngico, más que las moléculas de AFs de forma directa.

Aunque la detección de niveles traza representa un desafío técnico, los resultados demuestran que el NIR-HSI es una herramienta de cribado no destructiva muy prometedora. Los resultados muestran que la integración de estos modelos en sistemas de clasificación industrial podría mejorar significativamente la seguridad alimentaria en la cadena de suministro de frutos secos, al permitir el análisis grano a grano en tiempo real.

Palabras clave: aflatoxina B₁, cacahuetes, detección, imagen hiperespectral, infrarrojo

Financiación: Este trabajo ha sido financiado por el Proyecto de la UE 101079173-FunShield4Med (HORIZON-WIDERA-2021-ACCESS-03) y por una ayuda Juan de la Cierva (Referencia JDC2023-050557-I, financiada por el MCIU/AEI/10.13039/501100011033 y por el Fondo Social Europeo Plus, FSE+).



OS3-03

Caracterización de bacteriófagos y su aplicación en cócteles frente a *Staphylococcus aureus*

Ureña-Esteban, Nahia^{1,3*}, Laorden Muñoz, Lorena^{1,3}, Bailo Kaperotxipi, Nerea¹, Martínez-Ballesteros, Ilargi^{1,3}, Martínez-Malaxetxebarria, Irati^{1,3}, Hernández, Igor²

¹Grupo de Investigación Mikrolker; Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Vitoria-Gasteiz, España;

²Grupo de Investigación Lactiker; Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Universidad del País Vasco (UPV/EHU), Vitoria-Gasteiz, España;

³Bioaraba; Microbiología, Enfermedades Infecciosas, Agentes Antimicrobianos, y Terapia Génica; Vitoria-Gasteiz, España.

*nurena001@ikasle.ehu.eus

Resumen

Staphylococcus aureus constituye uno de los principales retos sanitarios y económicos en la industria agroalimentaria, siendo un agente clave en mastitis y en la contaminación de productos lácteos. Su capacidad para formar biopelículas, persistir en superficies y desarrollar resistencias antimicrobianas, limita la eficacia de los desinfectantes y antibióticos convencionales, cuyo uso intensivo genera además un impacto ambiental creciente. En este contexto, y ante la necesidad de alternativas sostenibles al uso de desinfectantes de origen químico y antibióticos, los bacteriófagos emergen como una estrategia de biocontrol altamente específica y de bajo impacto ecológico, con potencial para el desarrollo de desinfectantes biológicos sostenibles frente a los métodos convencionales de control. En este trabajo se presenta el aislamiento y caracterización de bacteriófagos activos frente a *S. aureus*, obtenidos a partir de aguas residuales y heces de ganado ovino. Los fagos fueron propagados y titulados, y su rango de hospedador se evaluó frente a 80 cepas ambientales aisladas en la industria láctea. La caracterización se realizó mediante microscopía electrónica de transmisión (TEM) y la diversidad genética mediante RAPD-PCR y perfiles RFLP. Asimismo, se evaluó su eficacia en la reducción del crecimiento bacteriano de forma individual y en cócteles.

Se aislaron 23 fagos activos, con capacidad de lisar entre 32 y 50 cepas y títulos de hasta 10^{11} – 10^{15} UFC/mL. El análisis por TEM permitió su clasificación dentro de la clase *Caudoviricetes*, observándose diversidad morfológica. A nivel genético, se evidenció una elevada heterogeneidad, lo que respalda su complementariedad funcional. Los cócteles mostraron una inhibición más rápida y sostenida que los fagos individuales, destacando CPhag3 como el más eficaz.

En conjunto, estos resultados evidencian el alto potencial de los fagos como herramientas de biocontrol frente a *S. aureus*. La formulación de cócteles fágicos maximiza la eficacia frente a tratamientos individuales, reduce la aparición de resistencias y refuerza su aplicación como desinfectantes biológicos sostenibles, constituyendo una estrategia prometedora para su aplicación en la industria láctea y la mejora de la seguridad alimentaria.

Palabras clave: Bacteriófagos, *Staphylococcus aureus*, Resistencia antimicrobiana, Seguridad alimentaria, Patógenos alimentarios

Financiación: UPV/EHU (GIU21/021)



OS3-04

Bacteriófagos para la descontaminación de *Stenotrophomonas* en vegetales frescos bajo un enfoque One Health

Gutiérrez-Gaete, Christian¹; Pintor-Cora, Alberto¹; Ribeiro, Daniela CSZ¹; Santos, Jesús A.^{1,2}; Alegría, Ángel^{1,2*}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León; ² Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL)

*a.alegria@unileon.es

Resumen

Stenotrophomonas es un patógeno emergente de carácter oportunista, frecuentemente presente en entornos agrícolas, caracterizado por una inherente capacidad de formación de biofilms persistentes y multirresistencia a antibióticos. Más allá de su implicación en infecciones, el género *Stenotrophomonas* constituye un desafío para la industria alimentaria, al promover la biocorrosión de superficies metálicas y la frecuente alteración de vegetales de cuarta gama. Las desventajas asociadas a los desinfectantes clásicos, unidas a la elevada persistencia ambiental del género, respaldan la necesidad de desarrollar alternativas para su eliminación. En este contexto, el uso de bacteriófagos surge como una prometedora estrategia de control.

El objetivo del estudio fue el aislamiento y caracterización de bacteriófagos activos frente a *Stenotrophomonas* a partir de aguas residuales. La caracterización genómica incluyó la adscripción taxonómica mediante VICTOR, la detección de genes asociados a virulencia y resistencia antibiótica, y la predicción del ciclo de vida mediante PhageAI. A nivel fenotípico, se determinó la eficiencia de plaqueo (EOP) frente a un panel de 19 cepas clínicas y ambientales de *Stenotrophomonas*, que incluía especies del *Stenotrophomonas maltophilia* complex (SMC; *S. geniculata*, *S. sepiolia* y *S. maltophilia*) y fuera de este, además de curvas *one-step* para el estudio de la cinética de infección. Tras descartar los fagos temperados, se obtuvieron 12 fagos líticos adscritos a los géneros *Shandongvirus* (n=3), *Menderavirus* (n=6), *Septimatrevirus* (n=2) y la subfamilia *Beaumontvirinae* (n=1). La colección presentó una buena cobertura conjunta frente a la mayoría de cepas del SMC infectando (EOP>0,5) al 70 % de las cepas, mientras que en cepas fuera del SMC alcanzó un 66,67 %. Los tiempos de latencia oscilaron entre los 30 y 70 min, con una marcada variabilidad en el *burst size* (90 - 800 PFU/célula). El bacteriófago *Beaumontvirinae* FSTE14 mostró unas características biotecnológicas destacables, con un rango de host amplio, un tiempo de latencia de ≈30 min y el *burst size* más elevado del conjunto (800 PFU/célula). Asimismo, demostró una excelente capacidad antibiofilm frente a *S. geniculata*, con reducciones de 2 log a las 3 horas y la erradicación completa a las 6 horas.

Los resultados obtenidos posicionan a estos bacteriófagos como una potencial estrategia de biocontrol en entornos ambientales e industriales frente a *Stenotrophomonas*. Su implementación se plantea como una alternativa eficaz para reducir la presión selectiva y las resistencias cruzadas asociadas a los desinfectantes tradicionales.

Palabras clave: *Stenotrophomonas*, bacteriófagos, biocontrol, patógenos oportunistas, vegetales



OS3-05

Evaluación de la actividad bioprotectora de bacteriófagos líticos para reducir *Salmonella* Typhimurium y *Listeria monocytogenes* en tripas naturales de cerdo durante su rehidratación

Rabasco-Vílchez, L^{1*}, Correia Peres Costa, J. C.², Jofré, A.³, Bover-Cid, S.³, Pérez-Rodríguez, F.¹, Bolívar, A.¹

¹Department of Food Science and Technology, UIC Zoonosis y Enfermedades Emergentes ENZOEM, ceiA3, Universidad de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain

²Applied Mycology Unit, Department of Food Technology, Engineering and Science, University of Lleida, Av. Rovira Roure 191, 25198, Lleida, Spain

³Food Safety and Functionality Programme, Institute of Agriculture and Food Research and Technology (IRTA), Finca Camps i Armet s/n, 17121, Monells, Spain

*t62ravig@uco.es

Resumen

Las tripas naturales de cerdo empleadas en productos cárnicos fermentados pueden actuar como vehículos de transmisión de microorganismos patógenos durante su rehidratación debido al aumento de la humedad. En este trabajo se evaluó el potencial antimicrobiano de dos preparados comerciales de bacteriófagos líticos, SALMONELEXTM frente a *Salmonella* Typhimurium y Phageguard Listex (PGL) frente a *Listeria monocytogenes*, en tripas naturales de cerdo, así como el efecto de dos temperaturas de almacenamiento (10 y 25 °C) durante 48 h. Para ello, las muestras de tripa (2×2 cm²) se rehidrataron mediante tres lavados sucesivos con agua estéril y posteriormente se drenaron e inocularon con aproximadamente 4,5 × 10⁶ ufc/g de *S. Typhimurium* CECT4594 o 4 × 10⁶ ufc/g de *L. monocytogenes* ST388. A continuación, se sometieron a un nuevo lavado durante 10 s en cada una de las suspensiones de bacteriófagos comerciales a una concentración aproximada de 9 × 10⁹ ufp/mL. Tras el tratamiento, las tripas se almacenaron a las temperaturas estudiadas y se cuantificaron los recuentos de ambos patógenos y de los fagos tanto en las tripas como en el agua de lavado. Todos los experimentos se realizaron por duplicado. En los ensayos frente a *S. Typhimurium*, el tratamiento con bacteriófagos produjo una reducción aproximada de 1,15 log a 10 °C, mientras que a 25 °C no se observó efecto reductor, detectándose incluso un incremento en el recuento durante el almacenamiento. Por el contrario, frente a *L. monocytogenes* se obtuvo una reducción de hasta 3 log en las tripas en ambas condiciones, con recuentos en el agua de lavado inferiores a 1 log ufc/mL. En ambos casos, las concentraciones de bacteriófagos se mantuvieron estables durante todo el ensayo, lo que sugiere una adecuada persistencia de la actividad bioprotectora. En conjunto, los resultados evidencian que los bacteriófagos constituyen una herramienta de biocontrol eficaz en tripas naturales de cerdo, aunque su rendimiento depende del patógeno diana y de las condiciones de almacenamiento, especialmente la temperatura.

Palabras clave: bacteriófagos, seguridad alimentaria, bioconservación, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* Typhimurium

Financiación: Proyecto de investigación “Aplicación de bacteriófagos como tecnología de biocontrol sostenible frente a patógenos alimentarios en procesos de descontaminación en la industria cárnica” (P.P. 2025 Submod. 2.5).



OS3-06

Proteínas Antifúngicas (AFPs) como nuevos biofungicidas en conservación de alimentos

Manzanares, P.^{1*}, Yélamos, A. M.^{1,2}, de Ovalle, S.¹, Garrigues, S.¹, Marcos, J. F.¹

¹Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IATA-CSIC); ²Programa de Doctorado en Biotecnología, Universitat Politècnica de València (UPV).

*pmanz@iata.csic.es

Resumen

Las infecciones causadas por hongos patógenos afectan a más de mil millones de personas y su mortalidad supera a la de la malaria o el cáncer de mama. La ganadería, la agricultura y la seguridad alimentaria también están seriamente comprometidas por hongos patógenos o micotoxigénicos. El uso intensivo de antifúngicos para su control causa el desarrollo de resistencias y la aparición de resistencias cruzadas entre fungicidas usados en clínica y agricultura, siendo un componente poco reconocido en la crisis mundial de resistencias a antimicrobianos. Por tanto, existe una necesidad urgente de nuevos antifúngicos con nuevos modos de acción.

Las proteínas antifúngicas ("*antifungal proteins*", AFPs) secretadas por hongos filamentosos inhiben específicamente el crecimiento de otros hongos sin afectar a bacterias, células vegetales o animales. Las AFPs son pequeñas proteínas catiónicas ricas en cisteína, con enlaces disulfuro y una estructura de lámina β antiparalela, lo cual hace que sean muy estables frente a condiciones bioquímicas y biofísicas adversas. Las AFPs tienen una potente actividad antifúngica y diferentes mecanismos de acción contra patógenos de humanos, animales y plantas, o contaminantes de alimentos. Por ello, las AFPs tienen un evidente potencial como nuevos biofungicidas.

El genoma de los hongos filamentosos posee un repertorio de secuencias tipo AFP de distintas clases filogenéticas. Nuestro grupo de investigación ha demostrado que la proteína PeAfpA de *Penicillium expansum* y la PdAfpB de *Penicillium digitatum* son dos de las AFPs más activas descritas hasta la fecha. Ambas son efectivas *in vitro* frente a hongos fitopatógenos, micotoxigénicos y alterantes de alimentos. En estudios de protección *in vivo* frente a patógenos vegetales la proteína PeAfpA es más efectiva que PdAfpB, y protege frente a infecciones postcosecha causadas por *P. digitatum* en naranjas y *P. expansum* en manzanas, *Botrytis cinerea* en plantas y frutos de tomate, *Magnaporthe oryzae* en hojas de arroz o *Fusarium proliferatum* en semillas de arroz. Por su parte, PdAfpB es efectiva en matrices alimentarias y alarga la vida útil de zumos de frutas contaminados artificialmente con *Paecilomyces variotii* y controla las alteraciones provocadas por *Aspergillus flavus* y *Penicillium commune* en productos de panadería.

La aplicación de las AFPs como nuevos biofungicidas y bioconservantes requiere su producción en biofactorías seguras, eficientes y sostenibles, así como la caracterización de su modo de acción. Nuestro grupo ha implementado el hongo seguro *Penicillium chrysogenum* como biofactoría de producción de AFPs y realizado estudios mecanísticos empleando herramientas ómicas y de biología celular.

Palabras clave: hongos filamentosos, proteínas antifúngicas, biofactorías, mecanismo de acción

Financiación: PID2024-162516OB-I00 y CEX2021-001189-S (MCIN/AEI/ 10.13039/501100011033 y "ERDF A way of making Europe")



OS4-01

Evaluación del potencial de *Hafnia paralvei* como cultivo adjunto para la elaboración de alimentos funcionales enriquecidos en agmatina

Angel Casado¹, Miguel A. Alvarez¹ y Victor Ladero^{1*}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC). C/ Francisco Pintado Fé, 26. 33011-Oviedo. Asturias

*ladero@ipla.csic.es

Resumen

La agmatina es una molécula bioactiva, producto de la descarboxilación de la arginina, que ha suscitado un creciente interés científico debido a sus efectos beneficiosos para la salud, destacando principalmente por sus propiedades neuroprotectoras y neuromoduladoras. De hecho, ensayos clínicos han mostrado su eficacia en el tratamiento del dolor neuropático y de trastornos depresivos. Aunque ya se comercializa como nutraceutico o suplemento deportivo, su incorporación en alimentos funcionales sigue siendo un área prácticamente inexplorada. Dado que el contenido de agmatina presente de forma natural en los alimentos es muy reducido, una estrategia innovadora y bien aceptada por los consumidores para incrementarlo consistiría en emplear microorganismos productores de agmatina durante la elaboración de alimentos fermentados.

Con este objetivo, desarrollamos un biosensor que permitió el aislamiento de bacterias productoras de agmatina a partir de diferentes productos lácteos, identificándose cepas pertenecientes al género *Hafnia* con propiedades tecnológicas interesantes. Entre ellas, se seleccionó la cepa *Hafnia paralvei* IPLA15029 para analizar su genoma y estudiar la influencia de diferentes factores tecnológicos en su capacidad para sintetizar agmatina. Los resultados indicaron que un entorno ácido y la presencia de una fuente de carbono fermentable son esenciales para la producción de agmatina. Además, esta resultó favorecida por temperaturas moderadas y la baja disponibilidad de oxígeno, mientras que concentraciones elevadas de sal o azúcar ejercieron un efecto inhibitorio. Asimismo, la construcción de un mutante de delección $\Delta adiA$ mediante el sistema CRISPR-Cas9, confirmó que este gen codificaba la arginina descarboxilasa responsable de la producción de agmatina.

Los resultados obtenidos permitieron identificar las matrices tipo yogur como las más indicadas para la acumulación de agmatina. De hecho, gracias al uso de la cepa *Hafnia paralvei* IPLA15029 como cultivo adjunto, se obtuvo la concentración de agmatina más alta jamás descrita en un producto lácteo. Resultados similares en un modelo de queso experimental confirmaron la versatilidad de la cepa para el desarrollo de productos lácteos fermentados enriquecidos en agmatina.

El uso de *Hafnia paralvei* IPLA15029 como cultivo adjunto en productos lácteos fermentados constituye una estrategia biotecnológica viable y eficaz para obtener alimentos funcionales enriquecidos de forma natural con agmatina, abriendo nuevas perspectivas para el desarrollo de productos orientados a mejorar la salud mental.

Palabras clave: *Hafnia paralvei*, Agmatina, Alimentos funcionales, Compuestos neuro-activos.

Financiación: Este Trabajo ha sido financiado por la AEI y FEDER (Ref: PID2024-155760OB-I00), así como por la agencia Sekuens del Principado de Asturias (Ref: IDE/2024/000736).



OS4-02

Protección metabólica y hepática vía carnes funcionales y su asociación con alteraciones en la microbiota intestinal en un modelo de rata con síndrome metabólico

McAlpine, Patrick L.^{1,2,3*}, Fernández, Javier^{1,2,3*}, Villar, Claudio J.^{1,2,3*}, Lombó, Felipe^{1,2,3*}

¹Instituto Universitario de Oncología del Principado de Asturias (IUOPA), Universidad de Oviedo, Oviedo 33006, España; ²Departamento de Biología Funcional (Microbiología), Universidad de Oviedo, Oviedo 33006, España; ³Grupo de Investigación en Biotecnología de Nutraceuticos y Compuestos Bioactivos (BIONUC), Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo 33011, España.

*mc Alpinepatrick@uniovi.es, fernandezjavier@uniovi.es, cjvg@uniovi.es, lombofelipe@uniovi.es

Resumen

El síndrome metabólico se caracteriza por disfunción hepática, dislipidemia, alteraciones en la homeostasis de la glucosa y obesidad, y constituye un importante problema de salud global. En este contexto, las estrategias basadas en alimentos funcionales que incorporan compuestos bioactivos en productos de consumo habitual representan un enfoque prometedor para la prevención de enfermedades metabólicas. El presente estudio evaluó los efectos metabólicos sistémicos de productos cárnicos funcionales enriquecidos con nutraceuticos en un modelo murino de síndrome metabólico inducido por la dieta. Las formulaciones incluyeron carotenoides, ácidos grasos omega-3, α -tocoferol, tiosulfonato de propil propano, catequinas y ácido carnósico, mezclados en diversas combinaciones.

Los resultados evidenciaron que los efectos fisiológicos dependieron en gran medida de la formulación específica. Los productos enriquecidos con carotenoides se asociaron con mejoras significativas en la esteatosis hepática y en parámetros relacionados con la obesidad (peso corporal y grasa visceral). Por otro lado, el enriquecimiento con ácidos grasos omega-3 mostró un efecto más destacado en la modulación de los niveles de colesterol circulante. Las formulaciones combinadas no produjeron estos beneficios, lo que sugiere interacciones inhibitorias dentro de la matriz cárnica funcional.

El análisis de la microbiota cecal mediante secuenciación del gen 16S rRNA mostró que las formulaciones con carotenoides inducían cambios en la composición microbiana intestinal. Análisis de mediación indicaron que dichas modificaciones se asociaban estadísticamente con mejoras en los parámetros hepáticos y metabólicos, lo que respalda una posible contribución de la microbiota intestinal a los efectos inducidos por los carotenoides. No obstante, los mecanismos causales subyacentes no fueron evaluados directamente en este estudio.

En conjunto, estos hallazgos demuestran que los productos cárnicos funcionales enriquecidos con nutraceuticos pueden modular los fenotipos del síndrome metabólico de manera dependiente de la formulación. Asimismo, resaltan la importancia de considerar las interacciones entre compuestos bioactivos en el diseño de alimentos funcionales. La asociación entre las alteraciones de la microbiota inducidas por carotenoides y los efectos metabólicos sistémicos observados sugiere la necesidad de futuras investigaciones orientadas a elucidar los mecanismos implicados.

Palabras clave: Alimentos funcionales, síndrome metabólico, microbiota, carotenoides, ácidos grasos omega-3

Financiación: Centro para el Desarrollo Tecnológico e Industrial (CDTI, MIG-20201012), Fundación Científica de la Asociación Española Contra el Cáncer (AECC, PRDAS233973MCAL), Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU, PID2021-127812OB-I00).



OS4-03

Microbiota intestinal temprana, dieta y neurodesarrollo: estudio longitudinal en una cohorte española

Arboleya, S^{1,2*}; Duhau, N¹; Herrero-Morín, JD³; González, S^{2,4}; Arias, JL^{2,5,6}; Arias, N^{2,6,7}; Gueimonde, M^{1,2}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Oviedo. ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo. ³Servicio de Pediatría, CS Noreña-SESPA, Noreña. ⁴Facultad de Medicina, Universidad de Oviedo, Oviedo. ⁵Facultad de Psicología, Universidad de Oviedo, Oviedo. ⁶Instituto de Neurociencias del Principado de Asturias (INEUROPA), Oviedo. ⁷Facultad de Ciencias de la Vida y la Naturaleza, Universidad de Nebrija, Madrid.

*silvia.arboleya @ipla.csic.es

Resumen

Antecedentes y objetivos: La microbiota intestinal desempeña un papel clave en la programación de la salud desde etapas muy tempranas de la vida. Su establecimiento constituye un proceso dinámico, influido por diferentes factores perinatales. Este periodo coincide con fases críticas del desarrollo cerebral, lo que sugiere una interacción relevante entre la microbiota y el sistema nervioso a través del eje intestino–cerebro. En los últimos años se ha estudiado esta interacción en el contexto de trastornos neuropsiquiátricos, sin embargo, el impacto de los primeros colonizadores microbianos sobre el desarrollo cognitivo en población infantil sana sigue siendo limitado. En este contexto, el presente estudio evaluó la relación entre la microbiota intestinal temprana, diferentes factores perinatales y la dieta, con el desarrollo cognitivo a los siete años en una cohorte infantil.

Métodos: Se llevó a cabo un estudio longitudinal en una cohorte de 60 niños sanos nacidos a término en Asturias (España), seguidos desde el nacimiento hasta los siete años de edad. La composición de la microbiota intestinal y sus principales metabolitos durante los primeros cuatro años de vida se analizaron mediante secuenciación parcial del gen 16S rRNA, qPCR y cromatografía de gases. Se recogieron de forma prospectiva datos clínicos, antropométricos y, dietéticos mediante cuestionarios de frecuencia de consumo de alimentos (FFQ) y tablas de composición nutricional adaptadas a la población infantil. El rendimiento cognitivo a los siete años se evaluó utilizando las baterías estandarizadas BAS-II y ENFEN.

Resultados: Se identificaron asociaciones entre determinados microorganismos presentes en etapas tempranas de la vida y el rendimiento cognitivo posterior, en diferentes funciones ejecutivas. Además, se observaron patrones diferenciales en la composición microbiana en función de variables perinatales y dietéticas, que correlacionaron con distintas dimensiones evaluadas en las pruebas cognitivas y el coeficiente intelectual global.

Conclusiones: Los resultados refuerzan la importancia del eje microbiota–intestino–cerebro en etapas tempranas de la vida y su posible impacto a largo plazo en el desarrollo cognitivo. La intervención sobre factores modificables, como la nutrición y el entorno perinatal, podría contribuir a promover un desarrollo neurocognitivo óptimo.

Palabras clave: Microbiota temprana, alimentación, cognición, factores perinatales, estudio longitudinal.

Financiación: Ayuda CNS2023-145550 financiada por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR.



OS4-04

Microbiota intestinal y terapia endocrina en cáncer de mama

García-Tejido, P^{1,4}, Fernández Pérez, Y^{1,4}, Gómez-Pérez, E^{2,4}, Muñiz Castrillo, M^{1,4}, Izquierdo Manuel, M^{1,4}, González Solares, S^{2,4}, de los Reyes-Gavilán, CG^{3,4}, Salazar Garzo, N^{3,4*}

¹Servicio Oncología Médica del Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA); ²Departamento de Biología Funcional, Universidad de Oviedo; ³ Departamento de Microbiología y Bioquímica, Instituto de Productos Lácteos de Asturias-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IPLA-CSIC); ⁴Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA)

*nuriasg@ipla.csic.es

Resumen

El cáncer de mama (CM) se encuentra entre las principales causas de muerte en las mujeres. Estudios recientes también relacionan a la microbiota intestinal (MI) como un factor de riesgo, ya que puede influir en el desarrollo de este tipo de cáncer a través del estroboloma, un conjunto de genes bacterianos implicados en el metabolismo de los estrógenos. La terapia hormonal (TH), que incluye moduladores selectivos del receptor de estrógeno (SERMs) y los inhibidores de la aromatasa (IAs) se han utilizado durante décadas como el tratamiento principal para el cáncer de mama positivo para receptores de estrógeno (HR+). Sin embargo, existe información limitada sobre cómo estos fármacos afectan a las bacterias que viven en nuestro intestino y si estos microorganismos pueden influir en la eficacia de los fármacos. En este estudio se realizó un seguimiento de mujeres con cáncer de mama que recibían distintas terapias endocrinas, evaluándolas antes del inicio del tratamiento y nuevamente tras seis meses de intervención. Para ello, se han reclutado mujeres con CM HR+ en colaboración con el Servicio de Oncología Médica del Hospital Universitario Central de Asturias. Se ha analizado la composición de la MI mediante secuenciación del gen del ARN ribosómico 16S, los ácidos grasos de cadena corta (AGCC) fecales y de sangre mediante cromatografía de gases acoplada a detector de llama y de masas. Se han observado cambios en la composición y la actividad metabólica de la microbiota intestinal según la terapia empleada. Existen diferencias relevantes en el perfil fecal y sanguíneo de AGCC, detectándose una disminución significativa de la concentración fecal de los AGCC mayoritarios, lo que sugiere que las TH orales afectan a la MI. Se están analizando si otros factores del estilo de vida, incluyendo la alimentación podrían a su vez modificar las interacciones entre el tratamiento endocrino y los microorganismos intestinales, lo que podría influir en la eficacia de los medicamentos.

Palabras clave: microbiota intestinal, cáncer de mama, terapia endocrina, ácidos grasos de cadena corta

Financiación: Proyecto PID2020-116371RJ-100 de investigación financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y proyecto IDE/2024/000740 (SEKUENS [Gobierno del Principado de Asturias] y fondos FEDER)



OS4-05

Evaluación comparativa de cepas de *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* en la fermentación de leche de burra: impacto sobre propiedades antioxidantes y antihipertensivas

García Martín, Elsa^{1,2*}, Chicote Gutiérrez, Jaime¹, Requena Teresa³, Monte Enrique^{2,4,5}, Menéndez Esther^{4,6}, Olmo Rocío^{2,4,5}, Martín-Diana, Ana Belén⁷.

Afiliaciones: ¹Aquaer 7 Consult S.L., Villamayor, Salamanca; ²Instituto de Investigación en Agrobiotecnología (CIALE), Universidad de Salamanca, Villamayor, Salamanca; ³Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL-CSIC), Madrid. ⁴Departamento de Microbiología y Genética, Universidad de Salamanca; ⁵Unidad de Investigación de Excelencia "Producción Agrícola y Medio Ambiente" (AGRIENVIRONMENT), Universidad de Salamanca; ⁶Unidad Asociada Grupo de Interacción Planta-Microorganismo, Universidad de Salamanca; ⁷Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL), Valladolid.

*egm@usal.es

Resumen

La leche de burra ha despertado un creciente interés como matriz para el desarrollo de productos fermentados con propiedades funcionales, si bien la selección de cultivos adecuados constituye un factor determinante para optimizar sus características tecnológicas y bioactivas. En este contexto, la comparación de cepas pertenecientes a la misma especie bacteriana, pero procedentes de diferentes entornos, permite profundizar en su adaptación y comportamiento en matrices no convencionales. El objetivo de este estudio fue evaluar el comportamiento de distintas cepas de *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* en la fermentación de leche de burra. Se comparó la CECT 31096 aislada de leche de burra, la IO-1, descrita en la literatura por su aplicación en la fermentación de matrices no lácteas y su capacidad para generar compuestos bioactivos (Olaide et al., 2020), y una cepa comercial utilizada con fines bioprotectores.

Las fermentaciones se realizaron de forma independiente con cada una de las cepas evaluadas, empleándose un cultivo iniciador comercial para la elaboración de yogur como referencia tecnológica. Los ensayos se llevaron a cabo en leche de burra pasteurizada utilizada como control, y en leches fermentadas con las distintas cepas, evaluándose parámetros funcionales mediante ensayos in vitro de capacidad antioxidante (ORAC, FRAP, ABTS y fenoles totales), así como la capacidad antihipertensiva a través de la inhibición de la enzima convertidora de angiotensina (ACE). Los resultados indican un comportamiento diferencial entre las cepas, destacando *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* CECT 31096 por su mayor contribución a las propiedades antioxidantes y a la actividad inhibitoria de ACE del producto fermentado. La comparación entre cepas permitió evidenciar la influencia del origen y de la matriz de aislamiento en su adaptación y funcionalidad en leche de burra. Los resultados indican un comportamiento diferencial entre las cepas, destacando *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* CECT 31096 por su mayor contribución a las propiedades antioxidantes y a la actividad inhibitoria de ACE del producto fermentado, presentando un valor de IC50 de 4,041 g/L, inferior al observado para la cepa IO-1 (IC50 = 6,112 g/L). Asimismo, la comparación entre cepas permitió evidenciar la influencia del origen y de la matriz de aislamiento en su adaptación y funcionalidad en leche de burra. Este trabajo pone de relieve el potencial de cepas autóctonas frente a cepas descritas en otras matrices, así como la relevancia de la selección de cultivos en el desarrollo de productos fermentados con propiedades funcionales mejoradas.

Palabras clave: antioxidante, anti-hipertensiva, *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*.



OS4-06

Efecto de la administración oral de *Ligilactobacillus salivarius* CECT 30362 en la salud intestinal de pacientes con Síndrome de Phelan-McDermid

Chiscano, P^{1*}, Alba C^{1,2}, Herranz^{1,2}, C, Zeni Coronel¹, M, Monroy MA³, Gómez-Taylor B⁴, Sempere F⁴, Álvarez-Calatayud G⁵, Rodríguez JM^{1,2*}

¹Departamento de Nutrición y Ciencia de los alimentos, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid;

²Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid, Spain; ³Centro de Salud Lucero, 28047 Madrid, Spain; ⁴ Departamento de Nutrición Humana, Universidad Católica de Valencia, 46001 Valencia;

⁵ Departamento de Gastroenterología Pediátrica, Hospital Universitario Gregorio Marañón, 28007 Madrid.

*pchiscano@gmail.com, jmrodrig@ucm.es

Resumen

El síndrome de Phelan-McDermid (SPMD) es una enfermedad rara debida a la ausencia o mutación del gen SHANK3 (cromosoma 22q13). Los afectados sufren un retraso en el desarrollo neurológico, acompañado frecuentemente de sintomatología gastrointestinal. Un estudio previo reveló diferencias significativas en la composición de la microbiota fecal de pacientes con SPMD en comparación con los sujetos control, lo que podría influir en algunas de las co-morbididades frecuentemente asociadas a estos pacientes. En este contexto, los objetivos de este proyecto fueron conocer si la administración oral de la cepa *Ligilactobacillus salivarius* CECT 30632 puede provocar cambios positivos en el perfil de ácidos grasos de cadena corta y en la composición del microbioma fecal de pacientes SPMD.

Para ello, se administró diariamente una cápsula que contenía aproximadamente 9 log₁₀ ufc de la citada cepa a 16 pacientes durante 3 meses. Paralelamente, un segundo grupo de 11 pacientes de SPMD recibieron un placebo (la misma cantidad de excipiente, pero sin la cepa). Tras el periodo de ensayo se recogieron muestras de heces de todos los participantes. Las muestras fecales se sometieron a un análisis metataxonómico basado en la amplificación y secuenciación de la región V3-V4 del gen 16S rRNA, a una PCR cuantitativa específica para la especie *L. salivarius* y a la determinación del perfil de ácidos grasos de cadena corta (butirato, propionato y acetato) mediante cromatografía de gases.

Los resultados obtenidos mostraron que la administración de *L. salivarius* CECT 30632 tuvo efectos beneficiosos en la composición del microbioma fecal en comparación con los pacientes del grupo placebo. La PCR cuantitativa específica para la especie *L. salivarius* permitió detectar dicha especie únicamente en las muestras de los niños del grupo probiótico. Finalmente, el tratamiento probiótico permitió mejorar las concentraciones de los tres ácidos grasos analizados en este trabajo, siempre en comparación con las muestras de los pacientes del grupo placebo. De hecho, las concentraciones de esos tres ácidos grasos al final del tratamiento probiótico fueron similares a las detectadas en controles sanos en un trabajo previo.

En conclusión, *L. salivarius* CECT 30632 ha mostrado tener capacidad para mejorar la salud intestinal de pacientes con SPMD

Palabras clave: Probióticos, *Ligilactobacillus salivarius*, Síndrome de Phelan-McDermid, Microbioma, ácidos grasos de cadena corta, salud intestinal



OS5-01

Biotransformation of Fruit By-Products into Functional Water Kefir through Targeted Microbial Consortium Selection

Ines Calvete-Torre^{1*}, Samuel Breselge^{1,2}, John Leech^{1,2}, Harsh Mathur^{1,2}, Paul D. Cotter^{1,2,3}.

¹Teagasc Food Research Centre, Moorepark, Fermoy, Co. Cork; ²IrelandAPC Microbiome Ireland, Cork, Ireland;

³VistaMilk, Cork, Ireland.

*ines.calvete@teagasc.ie

Summary

The global food system is under increasing strain due to population growth, inefficient distribution chains, and, most critically, rising levels of food waste. Nearly one-third of all food produced worldwide is lost or wasted annually, contributing to food insecurity, greenhouse gas emissions, and inefficient use of natural resources. Reducing food waste is therefore essential to building a more sustainable and equitable food system. Upcycling food by-products into value-added fermented foods represents a promising strategy within a circular economy framework.

Water kefir is a non-dairy fermented beverage rich in live microorganisms, offering potential probiotic benefits and supporting gut health. It is naturally carbonated and typically contains lower sugar levels than conventional soft drinks, making it an attractive alternative for health-conscious consumers, including vegans and individuals with dairy intolerance. The combination of water kefir cultures with fruit juices and fruit processing by-products has emerged as a promising approach for developing probiotic and biofortified beverages.

This study aims to evaluate selected microbial strains and consortia for the fermentation of fruit waste substrates to produce a nutritious and marketable water kefir beverage. Fifteen strains previously isolated from different water kefir sources were selected: two *Bifidobacterium*, four *Lactobacillus*, four acetic acid bacteria, four yeasts, and one *Zymomonas*. Three abundant fruit by-products in Ireland—apple pomace, strawberry, and raspberry residues—were chosen as substrates. Fruit juices were prepared by blending the by-products and diluting them 1:10 (w/v) with water prior to fermentation.

Each juice was fermented separately with individual isolates for 48 hours. A consistent decrease in pH and an increase in microbial counts were observed across substrates, indicating successful fermentation and microbial adaptation. Based on these preliminary findings, strains with Qualified Presumption of Safety (QPS) status were selected to formulate microbial consortia. These consortia were used to ferment the fruit-based substrates, monitoring pH, viable cell counts, sugar consumption, and ethanol production.

The results will guide the selection of an optimal microbial consortium and fruit substrate for industrial-scale production. This approach offers a sustainable solution for fruit waste valorisation while contributing to the development of functional, non-dairy fermented beverages aligned with current environmental and health priorities.

Palabras clave: Fruit by-products; Microbial consortia; Food waste valorization; Probiotic beverage; Circular economy.

Financiación: This work was supported by Research Ireland Postdoctoral Fellowship GOIPD/2025/1501.



OS5-02

Diseño de consorcios microbianos sintéticos para potenciar las propiedades prebióticas de matrices vegetales

Pedro Riesco^{1,2*}; Xenia Vázquez^{1,2}; Ana Muñoz³; Matías Gabaldón³; Carlos Sabater^{1,2}; Javier Moreno³; Lorena Ruiz^{1,2}; Abelardo Margolles^{1,2}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), c/Francisco Pintado Fe, 26, 33011 Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), ³Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL-CSIC), c/ Nicolás Cabrera, 9, Campus UAM Cantoblanco 28049 Madrid.

*pedro.riesco@ipla.csic.es

Resumen

La magaya de sidra (AP) es un subproducto muy abundante de la industria sidrera. Una gran cantidad de este material se desecha pese a su alto contenido en moléculas de elevado valor biotecnológico, como vitaminas, minerales o fibras dietéticas, destacando las pectinas, polisacáridos vegetales que presentan cierta capacidad prebiótica. La presencia de estos componentes confiere gran interés a este tipo de subproductos como potenciales sustratos para el desarrollo de nuevos alimentos. Estas propiedades prebióticas, así como otras características de estas matrices, pueden modificarse y mejorarse mediante fermentaciones microbianas, aportando bioactivos y otras mejoras en las propiedades relacionadas con la salud, así como en la textura, aroma y conservación de los productos resultantes. En este contexto, el diseño de comunidades microbianas sintéticas optimizadas para modificar de forma dirigida este tipo de materiales se erige como una estrategia con gran potencial, contribuyendo a la revalorización y evitando el desperdicio de estos subproductos. En este trabajo, se realizó una modelación metabólica utilizando el software Metage2Metabo para definir comunidades microbianas optimizadas para metabolizar una matriz basada en AP, con el objetivo de mejorar las propiedades prebióticas del producto mediante la fragmentación de los polisacáridos vegetales presentes. Para esta modelización, se utilizaron, además de una semilla con la composición química del material de origen, los genomas anotados de 45 cepas de bacterias y levaduras de una colección propia aislada de fermentaciones espontáneas de AP. A partir de los resultados obtenidos, junto con las anotaciones genómicas, especialmente las relacionadas con enzimas CAZy, se definieron consorcios microbianos de entre 3 y 5 microorganismos, utilizados para realizar una serie de fermentaciones de una matriz de AP atendiendo a un diseño factorial ortogonal destinado a evaluar el efecto del tiempo y la temperatura de fermentación en las propiedades del producto resultante. Estas muestras fueron sometidas a una caracterización composicional y funcional que incluyó diferentes determinaciones de metabolitos, capacidad prebiótica y análisis de carbohidratos. Los resultados mostraron que los productos finales están enriquecidos en fracciones glucídicas con mayor potencial prebiótico, entre otras características deseables. Estos resultados ponen de manifiesto la utilidad de estas aproximaciones basadas en consorcios microbianos sintéticos para el desarrollo de nuevos alimentos a partir de subproductos vegetales.

Palabras clave: Subproductos vegetales, alimentos fermentados, actividad prebiótica, ecología sintética.

Financiación: HE/CL6-FAR/0203. Harnessing the microbial potential of fermented foods for healthy and sustainable food systems (DOMINO).



OS5-03

Sustainable valorization of avocado residues through LAB-polyphenol bioprotective systems

Lucena, A.^{1,2*}, Morcillo-Martín, R.², Rodríguez, A.², Espinosa, E.², Pérez-Rodríguez, F.¹

¹BioPrEn Group (RNM-940), Chemical Engineering Department, Instituto Químico para la Energía y el Medioambiente (IQUEMA), Faculty of Science, Universidad de Córdoba, 14014 Cordoba, Spain; ²Department of Food Science and Technology, UIC Zoonosis y Enfermedades Emergentes ENZOEM, ceiA3, Universidad de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain

*b52luopa@uco.es

Resumen

The search for natural preservation strategies has increased interest in bioprotective cultures adapted to plant-based environments. Vegetable-associated niches can harbour lactic acid bacteria (LAB) capable of tolerating harsh conditions, including exposure to plant-derived antimicrobial compounds, making them promising candidates for food biopreservation. In addition, combining bioprotective microorganisms with natural compounds such as polyphenols may result in synergistic antimicrobial effects against foodborne pathogens. In this context, avocado crop compartments represent a potential source of LAB adapted to phenolic-rich environments.

In this study, LAB were isolated from three avocado crop compartments (leaf tree, leaf soil, and soil) and characterized to assess their bioprotective potential. Isolates were screened for organic acid production, bacteriocin production, antagonistic activity against *Listeria monocytogenes* (CETC 4032), *Salmonella typhimurium* (CETC 704), *Escherichia coli* (CETC 4076), and *Staphylococcus aureus*, as well as tolerance to 20 mg/mL avocado polyphenol-rich extract. Selected strains were identified by 16S rRNA gene sequencing as *Lactobacillus sakei* (soil isolates) and *Enterococcus gilvus* (leaf isolates). Six non-bacteriocin-producing isolates exhibiting antagonistic activity, acidification capacity, and polyphenol tolerance were selected for further analysis. The avocado polyphenol-rich extract showed selective antimicrobial activity, with minimum inhibitory concentrations (MIC) of 1.25 mg/mL for *S. aureus*, 5 mg/mL for *L. monocytogenes*, and 20 mg/mL for *S. enterica*, while no inhibition was observed for *E. coli*. Minimum bactericidal concentrations (MBC) were 5 mg/mL for *S. aureus* and 20 mg/mL for *L. monocytogenes*. Sub-inhibitory concentrations of the extract promoted LAB growth, with 10 mg/mL enhancing *L. sakei* and 5 mg/mL stimulating *E. gilvus*.

Co-culture assays demonstrated improved pathogen control under extract-supplemented conditions. This effect was consistent against *S. aureus* and, to a lesser extent, *L. monocytogenes*, while more variable responses were observed for *S. typhimurium* and *E. coli*. Overall, the combined application of LAB and avocado polyphenol-rich extract resulted in greater antimicrobial activity than either treatment alone, highlighting their potential as a sustainable and natural bioprotective strategy.

Palabras clave: Lactic Acid Bacteria; bioprotection; antimicrobial activity; polyphenols; coculture,

Financiación: National Project AGROVALFORFOODPACK



OS5-04

Estudio de la bioactividad de esterasas de carbohidratos de origen microbiano: aplicaciones para producir prebióticos más selectivos

Granja-Iglesias, Adela^{1,2*}; Sabater, Carlos^{1,2}; Vázquez, Xenia^{1,2}; Javier Moreno³; Margolles, Abelardo^{1,2}; Ruiz, Lorena^{1,2}

Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), c/Francisco Pintado Fe, 26, 33011 Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), ³Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL-CSIC), c/ Nicolás Cabrera, 9, Campus UAM Cantoblanco 28049 Madrid.

*adela.granja@ipla.csic.es

Resumen

La fibra dietética engloba diversas familias de poli- y oligosacáridos complejos con múltiples beneficios en la salud humana, algunos de ellos, como las pectinas y arabinosilanos (AXs), debido a su capacidad para modular selectivamente microorganismos asociados con la salud intestinal. La fermentación intestinal de estos carbohidratos prebióticos depende en gran medida de sus características estructurales, destacando el grado de metil- y acetilesterificación como factores determinantes de su fermentabilidad en el intestino. En este contexto, las esterasas de carbohidratos (CEs), que incluyen metil- y acetilesterasas capaces de eliminar grupos metilo y acetilo presentes en pectinas y AXs, representan una herramienta prometedora para diseñar fibras prebióticas con patrones de fermentabilidad más selectivos.

El objetivo de este trabajo fue identificar y caracterizar CEs de la microbiota intestinal humana con afinidad por pectinas y AXs, con el fin de estudiar el efecto de su acción sobre la fermentabilidad intestinal de estas fibras. Para ello, se analizaron *in silico* 1.095 metagenomas intestinales de diferentes grupos poblacionales, recuperándose 6.144 genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs). Se anotaron las secuencias candidatas de CEs en la base de datos CAZy, y se evaluó *in silico* su afinidad por oligómeros parcialmente metil- y acetilesterificados derivados de pectina y AXs. Como resultado, se seleccionaron 9 acetilesterasas y 11 metilesterasas pertenecientes a algunos de los géneros bacterianos más representativos del ecosistema intestinal humano, como *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Faecalibacterium* y *Prevotella*, entre otros. Los genes codificantes de las 20 CEs se expresaron heterológicamente en *Escherichia coli* BL21(DE3) y se purificaron mediante cromatografía de afinidad en columnas con resina Ni-NTA. La actividad enzimática de las enzimas purificadas se evaluó frente a sustratos acetilesterificados de origen sintético (pNP-A, pNP-B y 4-MUA) y frente a sustratos naturales (pectinas acetiladas y metiladas). La mayoría de acetilesterasas mostraron actividad sobre pNP-A y 4-MUA, con tasas de conversión de entre el 17% y el 83%, mientras que las metilesterasas no demostraron actividad evidente sobre sustratos sintéticos.

Estos ensayos desarrollados demuestran ser una herramienta eficaz de cribado para detectar reacciones de desesterificación de forma sencilla, siendo potencialmente aplicables a sustratos naturales más complejos que deriven de pectinas y AXs.

Palabras clave: esterasas de carbohidratos, pectina, arabinosilanos.

Financiación: Proyecto PID2022-141737OB-I00, ayuda predoctoral asociada (PREP2022-000450) financiados por MICIU/AEI /10.13039/501100011033, FEDER, UE y FSE+; por 202370E168 (CSIC) y ayuda del Plan Regional de Investigación IDE/2024/000704.



OS5-05

Microbial population dynamics during spontaneous fermentation of Alperujo: valorisation of an olive oil industry by-product

Pardo, Judit¹; Forner, Marta¹; Mendiola, José Antonio²; Valdés, Alberto²; Miralles, Nuria³; Teixé, Júlia³; Ibañez, Elena²; Guillamón, José Manuel^{1*}

¹Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos del CSIC (IATA-CSIC), Paterna (Valencia); ² Instituto de Ciencias de la Alimentación (CIAL-CSIC), Madrid; ³BORGES AGRICULTURAL & INDUSTRIAL EDIBLE OILS, S.A.U., Tarrega (Lleida)

*guillamon@iata.csic.es

Summary

Alperujo, the solid by-product generated during two-phase olive oil extraction, is characterised by a strong odour, a paste-like texture, and a high moisture content (~65%), all of which complicate its management and disposal. Despite these challenges, alperujo is a rich source of polyphenols and other bioactive compounds, whose recovery represents a promising strategy for adding value to this industrial residue.

Following extraction, large volumes of alperujo are stored in open-air ponds, where spontaneous fermentation takes place in an uncontrolled manner, driven by the autochthonous microbial community. The limited literature available on alperujo fermentation suggests a predominance of yeasts and lactic acid bacteria; however, the specific contribution of these microbial populations to substrate transformation and the biosynthesis of high-value molecules remains largely unexplored.

In this study, we monitored the dynamics of microbial communities, including both yeast and bacterial populations, throughout a spontaneous fermentation event at a Borges group olive mill (Córdoba, Spain), using a metabarcoding approach. In parallel, untargeted metabolomic analysis was applied to the same fermentation samples, revealing significant microbial-driven biotransformation of the substrate. Furthermore, we carried out inoculated fermentations using overproducer strains of tyrosol and hydroxytyrosol. These are two important bioactive molecules found in alperujo and alpechín. Taken together, our results suggest that spontaneous alperujo fermentation may represent a cost-effective and scalable strategy for enriching this by-product with high-value molecules, opening new avenues for its sustainable valorisation.

Palabras clave: Alperujo fermentation, Metabarcoding, Untargeted metabolomic, microbial dynamic, high-added bioactive molecules

Financiación: This study has been funded by the project COCREA (COCRE24016; <https://converge.csic.es/project/valolive/>) “Valorización de subproductos de la industria olivarera mediante una aproximación biotecnológica: enriquecimiento en moléculas bioactivas (VALOLIVE)”.



OS5-06

Desarrollo de una estrategia multi-FISH para el estudio de *biofilms* biomiméticos y su aplicación directa sobre consorcios bacterianos procedentes de superficies de la industria alimentaria

Jara, J.^{1,2*}, Aragón, A.^{1,2}, Carrasco, I.³, Álvarez, L.¹, Hernando, N.^{1,2}, Jurado, R.^{1,2}, Rodríguez, J.M.^{2,4}, Mark Welch, J.L.⁵, Amils, R.³ & Orgaz, B.^{1,2}

¹Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro, s/n, 28040 Madrid, España; ²Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, P.º Juan XXIII 1, 28040 Madrid, España; ³Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, Universidad Autónoma de Madrid, C. Nicolás Cabrera 1, 28049, Madrid, España; ⁴Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro, s/n, 28040, Madrid, España; ⁵The ADA Forsyth Institute, 100 Chestnut St, Somerville, Massachusetts, 02543, Estados Unidos de América.

*josujara@ucm.es

Resumen

Las superficies de la industria alimentaria pueden albergar comunidades microbianas adheridas en forma de *biofilms*, con riesgo para la calidad y seguridad alimentaria. Sin embargo, su estudio estructural presenta limitaciones, especialmente por la dificultad de visualizarlas directamente sobre superficies industriales sin alterar su organización tridimensional. En este contexto, los *biofilms* biomiméticos generados a partir de aislados reales permiten estudiar estas comunidades en un sistema compatible con microscopía avanzada. El objetivo de este trabajo fue desarrollar una estrategia multi-hibridación fluorescente *in situ* (multi-FISH) para visualizar simultáneamente el máximo número de géneros bacterianos y evaluar su aplicabilidad como herramienta para estudiar el efecto sobre la adhesión bacteriana de distintos tratamientos.

Para ello, se diseñó y optimizó un panel de sondas fluorescentes de ADN seleccionadas según sus longitudes de onda, evitando el solapamiento espectral y permitiendo su visualización simultánea con un microscopio confocal Leica Stellaris 8 equipado con láser de luz blanca y módulo de microscopía espectral. A partir de aislados bacterianos procedentes de superficies en contacto con alimentos, se desarrollaron *biofilms* biomiméticos multiespecie bajo condiciones simuladas de la industria alimentaria que, posteriormente, fueron fijados, permeabilizados y teñidos mediante una técnica secuencial de FISH. La estrategia optimizada se aplicó, por un lado, a la evaluación del efecto de distintos tratamientos dispersantes sobre la estructura de los *biofilms* y, por otro, al estudio del efecto del acondicionamiento de superficies con biosurfactantes bacterianos sobre la adhesión de patógenos aislados de superficies en contacto con alimentos.

Los resultados mostraron una hibridación eficiente y específica tras la optimización de la concentración de formamida y de las condiciones de hibridación secuencial de las sondas. La estrategia desarrollada permitió visualizar simultáneamente las comunidades microbianas en seis canales espectrales diferenciados, identificando patrones de formación y coagregación entre microorganismos, así como cambios en el biovolumen y en su distribución espacial dentro del *biofilm*. La aplicación del protocolo mostró que el acondicionamiento de superficies y el tratamiento de *biofilms* preformados con fracciones derivadas de sobrenadantes microbianos facilitaron su dispersión y redujeron la capacidad de adhesión de los patógenos seleccionados. En conclusión, el protocolo multi-FISH desarrollado permite la visualización simultánea y diferencial de consorcios bacterianos complejos en *biofilms* biomiméticos representativos de la industria alimentaria. Esta estrategia ofrece una aproximación eficaz para estudiar la organización espacial, la interacción entre microorganismos y su respuesta frente a distintos tratamientos, superando algunas de las limitaciones de los métodos convencionales que conllevan la alteración de su arquitectura tridimensional.

Palabras clave: Biofilms, Microscopía confocal, Superficies en contacto con alimentos, Patógenos alimentarios.
Financiación: Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, proyecto PID2022-139262OB-I00.



OS6-01

HayLiMoNeS: haplotyping software for *Listeria monocytogenes* using Nanopore sequencing

Illán Ortega, G.^{1*}, Truchado, P.¹, Cobo-Díaz, J.F.³, Gil, M.I.¹, Álvarez-Ordóñez, A.³, Allende, A.¹, Quijada, Narciso M².

¹Research Group on Microbiology and Quality of Fruits and Vegetables, CEBAS-CSIC, Murcia, Spain; ²Institute of Functional Biology and Genomics (IBFG, CSIC-USAL), Spain; ³Department of Food Hygiene and Technology and Institute of Food Science and Technology, University of León, León, Spain

*gillan@cebas.csic.es

Summary

Whole-genome sequencing (WGS) surveillance of *Listeria monocytogenes* has transformed outbreak attribution, yet it remains constrained by slow culture-based steps (~5–6 days) and by the bias of sequencing a single colony, which can underestimate within-sample diversity. To reduce reliance on culture and accelerate genome recovery, quasi-metagenomic approaches have emerged as an alternative. However, current workflows rarely resolve strain mixtures and often rely on a single reference genome, reducing strain-level inference when closely related lineages co-occur. Here, we present our developed software HayLiMoNeS (**H**aplotyping **L***isteria* **m**onocytogenes with **N**anopore **S**equencing), a modular and reproducible pipeline for Nanopore long DNA-sequencing reads capable to resolve individual *L. monocytogenes* haplotypes from complex metagenomes. For doing so, HayLiMoNeS integrates automatic read quality control and error correction, taxonomic profiling, sample-specific reference selection, and stringent read filtering and clustering, followed by direct assembly or, in multi-strain scenarios, variant-based haplotyping and strain-resolved assembly. We trained HayLiMoNeS with simulated metagenomic samples, and we were able to resolve 36 individual haplotype genomes, with mean completeness of 93.5% and contamination of 1.2%, and 28 were classified as high quality; allele-level accuracy was high (mean F1-score 0.91; median 0.98). A binary logistic model estimated the sequencing depths required for successful genome resolution ($F1 \geq 0.90$) at 25.8x, 31.5x and 36.8x for 80%, 90% and 95% success probabilities, respectively. In spiked environmental samples, 31 of 48 expected genomes were recovered, and failures were mainly associated with insufficient depth that prevented assembly initiation; after excluding low-quality reconstructions that caused errors in cgMLST analysis, 20 genomes were retained for phylogenetic inference, showing median completeness of 99.95%, median contamination of 0.98%, and a median F1-score of 0.97. Overall, HayLiMoNeS delivers quantitatively validated haplotyping and strain-resolved assemblies, enabling faster and more sensitive *L. monocytogenes* surveillance in food-processing environments.

Financiación: Center for Produce Safety (CPS Award No. 2021CPS01), MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (PID 2022-1417080B-I00), AGROALNEXT (fondos NextGenerationEU, PRTR-C17.11).

Palabras clave: *Listeria monocytogenes*, quasimetagenomics, Nanopore, haplotyping, bioinformatics



OS6-02

Valorisation of milk whey as fermentation substrate for production of LAB-driven plant biostimulants

Szekeres, Barbara^{1*}, Cuadrado, Sandra¹, del Rio, Beatriz^{1,2}, Alvarez, Miguel A.^{1,2}, Redruello Begoña^{1,2}

¹Grupo de Microbiología Molecular, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA, CSIC), C/Francisco Pintado Fé, 26. 33011-Oviedo (España); ²Grupo de Microbiología Molecular, Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Avenida Hospital Universitario s/n, 33011-Oviedo (España).

*barbara@ipla.csic.es

Summary

Approximately 200 million tons of milk whey -the main by-product of the dairy industry- are generated worldwide, with a significant proportion being discarded. This practice has led to considerable environmental problems due to its high organic matter content. Its use as renewable source of several products within the global circular economy strategy has gained increasing attention. Over the past decades, efforts have focused on developing more environmentally and economically sustainable approaches for whey utilisation, primarily to convert this by-product into a valuable raw material. Current strategies are mostly oriented toward biotechnological and food applications, including the development of products such as whey proteins, functional foods and beverages. Due to its rich composition in lactose, proteins, and minerals, whey also represents an excellent substrate for the growth of lactic acid bacteria (LAB), which play key roles in food fermentation, human health, biotechnology, and agriculture.

Plant biostimulants (PB) are “any substance or microorganism applied to plants with the aim of enhancing nutrition efficiency, stress tolerance and/or crop quality traits, regardless of its nutrient content”. Amino acids such as γ -aminobutyric acid (GABA) are recognised PB that contribute to the tolerance to water deficit stress of several crops. The LAB strain *Lactococcus lactis* LEY6 —previously isolated from camel milk and characterized by our group [1]— can produce high concentrations of GABA in culture media and secrete it into the surrounding environment.

In this work, we have explored the use of milk whey as fermentation substrate for *L. lactis* LEY6 strain growth and GABA production. Our results demonstrated that the strain successfully grew in milk whey-based media and was able to produce GABA, highlighting its potential as a promising candidate to be used within a milk-whey valorisation strategy for PB production. This approach contributes to the development of circular economy strategies for dairy waste valorisation, with applications in food industry and sustainable agriculture.

[1] Redruello, B., Saidi, Y., Sampedro, L., Ladero, V., del Rio, B., & Alvarez, M. A. (2021). GABA-Producing *Lactococcus lactis* Strains Isolated from Camel's Milk as Starters for the Production of GABA-Enriched Cheese. *Foods*, 10(3), 633. <https://doi.org/10.3390/foods10030633>.

Palabras clave: circular economy; sustainable agriculture; GABA; milk whey; Lactic Acid Bacteria; plant biostimulant

Financiación: Spanish AEI (PID2024-157955OB-C21) and EU-funded Interreg Atlantic Program (EAPA-0100/2024).



OS6-03

Descifrando la kombucha artesanal: análisis metagenómico y bioquímico

Fernández, A.^{1*}, Díaz, A.I.^{2,3}, Sánchez, M.¹, Calvete-Torre, I.^{2,3}, Laca, A.¹, Margolles, A.^{2,3}, Ruiz, L.^{2,3}, Laca, A.¹

¹Departamento de Ingeniería Química y Tecnología del Medio Ambiente, Universidad de Oviedo, C/ Julián Clavería s/n, 33071, Oviedo, España; ²Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), C/ Francisco Pintado Fe, 33011 Oviedo, España; ³Grupo de Funcionalidad y Ecología de Microorganismos Beneficiosos (MicroHealth), Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo, Asturias, España

*UO272192@uniovi.es

Resumen

En los últimos años, la creciente demanda de alimentos artesanales y de “etiqueta limpia” ha impulsado la popularidad global de la kombucha, un té fermentado obtenido mediante un cultivo simbiótico de bacterias y levaduras (SCOBY). En este trabajo, se evaluó, desde el punto de vista físico-químico y microbiológico, un proceso de producción artesanal de kombucha. La caracterización físico-química, que incluyó la determinación de azúcares, ácidos orgánicos, compuestos fenólicos, flavonoides, taninos, etanol, pH y capacidad antioxidante, se llevó a cabo mediante técnicas espectrofotométricas y cromatográficas, mientras que las poblaciones microbianas se analizaron mediante secuenciación metagenómica.

Pese a la variabilidad inherente al proceso artesanal, los parámetros analizados se situaron dentro de los rangos de referencia establecidos por Kombucha Brewers International (KBI), lo que respalda la calidad del producto en términos de capacidad antioxidante y contenido de metabolitos bioactivos. Los análisis metagenómicos revelaron una clara sucesión microbiana a lo largo de las etapas del proceso, pasando de una comunidad diversa, y dominada por especies de *Komagataeibacter*, en el SCOBY empleado como inóculo a una fase de fermentación caracterizada por la predominancia de *Brettanomyces bruxellensis*. Además, las condiciones estacionales influyeron notablemente, mostrando velocidades de fermentación más rápidas, menor contenido de azúcares y mayor capacidad antioxidante, así como un mayor contenido en etanol en las muestras de verano que en las de invierno. En el producto final de invierno, tras el embotellado, la microbiota se enriqueció en bacterias ácido-lácticas como *Oenococcus oeni*, probablemente debido a la baja disponibilidad de oxígeno. En las muestras de verano se observó una mayor dominancia de las levaduras y una mayor variabilidad en los productos finales. Se concluye, por tanto, que la kombucha elaborada de forma artesanal presenta un perfil composicional de gran interés en el ámbito de los alimentos funcionales. El análisis metagenómico evidencia que la dinámica microbiana es sensible tanto a las distintas etapas del proceso como a las condiciones estacionales, lo que conlleva modificaciones en las características del producto final. Este trabajo subraya la necesidad de avanzar en la estandarización del proceso artesanal para garantizar la consistencia y la seguridad del producto, y refuerza el interés de seguir investigando sus propiedades funcionales en el contexto de la creciente demanda de alimentos fermentados.

Palabras clave: kombucha, microbiota, Shotgun, capacidad antioxidante, polifenoles.

Financiación: Los autores agradecen la financiación económica recibida a través de las ayudas CSIC 202370E168 y JDC2022-049850-I, así como de los proyectos IDE/2024/000704 y SEK-25-GRU-GIC-24-010. Asimismo, AID agradece la ayuda JDC2022-049850-I, financiada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por la Unión Europea “NextGenerationEU”/PRTR



OS6-04

Differential *sigB* expression and enhanced acid tolerance in biofilm-derived cells of *Listeria monocytogenes* in food and gastric models

Nogueira, Raquel A^{1*}, Rodríguez-Herrera, Juan J¹, Rodríguez-Carrera, Sonia¹, Gallego-López, Alberto¹, Blanco-Martín, Teresa¹, Rodríguez-López, Pedro², Cabo, Marta¹

¹Grupo de Microbiología Ambiental y Alimentaria (MicroSAFE), Instituto de Investigaciones Mariñas (IIM), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC); ² Eco2CHEM, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad San Jorge
*rnogueira@iim.csic.es

Summary

Listeria monocytogenes is the causative agent of listeriosis, a life-threatening foodborne disease acquired through the consumption of contaminated foods. For food stakeholders, the persistence of *L. monocytogenes* in food processing environments (FPE) poses a critical concern. In such settings, the pathogen persists due to its specific biology and its ability to form and integrate into biofilms, which are bacterial communities of autoaggregated cells embedded in a self-produced matrix that shields them from stressful environmental conditions. However, most microbial risk analyses involving *L. monocytogenes* have relied on free-swimming (planktonic) cells, which exhibit distinct gene expression and phenotypes compared with biofilm cells.

This study was initiated on the hypothesis that differences in gene expression observed between biofilm and planktonic cells may persist even after transfer into a food matrix via cross-contamination. Consequently, the gene expression of the alternative sigma factor (*sigB*), a transcriptional regulator governing stress response, virulence, and metabolism, was examined in cells derived from biofilm and planktonic states within a food model subjected to varying osmotic conditions, using three *L. monocytogenes* strains isolated from food and (FPE). It was first confirmed that biofilm cells of the three strains upregulate genes involved in stress response, virulence, and quorum sensing compared with their planktonic counterparts. Once contaminated with biofilm and planktonic cells, the food model was cold-stored for 15 days, and differential gene expression was assessed at various time points. Under those experimental conditions, a strain-dependent, transient upregulation of *sigB* was observed during early storage in biofilm-derived cells compared with planktonic counterparts, suggesting a physiological memory effect inherited from the biofilm state that primes these cells for enhanced stress adaptation. This upregulation diminished over time, converging with planktonic expression levels by day 15, indicating that the memory effect is transient.

Additionally, biofilm- and planktonic-derived cells were recovered from the food model and exposed to a simulated gastric environment (pH 1-3). It was observed that biofilm-derived cells possessed greater acid tolerance than their planktonic counterparts under the most acidic conditions, suggesting that osmotic-induced cross-protection, mediated by *sigB*, enhanced the survival of biofilm-derived cells under our experimental conditions. These results emphasise the impact of cellular origin on *L. monocytogenes* fitness, highlighting the need to incorporate biofilm-derived cell physiology into quantitative microbial risk assessments to avoid underestimating *L. monocytogenes* risk.

Palabras clave: *Listeria monocytogenes*, biofilm, *sigB*, gene expression, food model, memory effect

Financiación: This work is funded by the Spanish Ministry of Science and Innovation (ASEQURA, PID2019-10 8420RB-C31, ASEQURA2, PID2023-152192OB-C21) and the Spanish Research Council (PIE 202170E074).



OS6-05

Identificación y caracterización de microorganismos proteolíticos en ambiente lácteo

Lozano-Oliván, M^{1*}, Pérez-Través, L², Morard, M², Vázquez, X¹, Querol, A², Fernández, M¹, Ruas-Madiedo, P¹

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IPLA-CSIC);

²Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos- Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IATA-CSIC).

*marta.lozano@ipla.csic.es

Resumen

El sistema proteolítico de los microorganismos es un mecanismo complejo, diseñado para degradar las proteínas en péptidos y aminoácidos para obtener nutrientes. Las matrices lácteas presentan condiciones que favorecen, mediante presión selectiva, el crecimiento de microorganismos con capacidad proteolítica. Esta actividad resulta relevante, ya que la degradación de las proteínas de la leche genera una amplia variedad de péptidos con potencial bioactivo. Además, la proteólisis es clave desde un punto de vista tecnológico por su papel en el desarrollo de las propiedades organolépticas de los productos lácteos fermentados.

En este contexto, el objetivo de este estudio ha sido la identificación y caracterización de microorganismos de origen lácteo en función de su capacidad proteolítica. Para ello, se llevó a cabo un escrutinio de la colección de microorganismos de origen lácteo del grupo mediante siembra en agar leche, seleccionándose aquellos que generaban halos de hidrólisis como indicativo de su actividad proteolítica. Como resultado, se seleccionaron 5 bacterias y 5 levaduras. La identificación se realizó mediante la secuenciación parcial del gen ARN ribosomal 16S, en el caso de las bacterias, y de la región D1/D2 del gen ARN ribosomal 26S para las levaduras.

Todas las levaduras seleccionadas fueron identificadas como *Yarrowia lipolytica* y procedían de leche de 3 queserías. Se tipificaron mediante RAPD, observándose perfiles de amplificación diferenciados, lo que indicó que todos los aislados correspondían a cepas distintas. Además, se realizó un análisis mtDNA-RFL, pero no permitió una discriminación entre los aislados. Posteriormente, se realizaron fermentaciones en leche UHT con las levaduras para cuantificar su actividad proteolítica utilizando o-ftaldialdehído (OPA). Asimismo, se extrajo el ADN para su secuenciación, mediante tecnología PacBio, para la caracterización molecular de su sistema proteolítico.

En cuanto a las bacterias, los aislados procedían de muestras de 4 queserías diferentes y fueron identificados como: 2 *Staphylococcus equorum* (aislados de corteza de queso madurado en cueva natural DOP Gamonéu), 2 *Enterococcus faecalis* (aislados de suero lácteo) y 1 *Kocuria rhizophila* (aislado de queso fresco). Todos ellos se caracterizaron fenotípicamente mediante galerías API ZYM y API 50CH y se realizaron fermentaciones en leche para evaluar su actividad proteolítica de forma cuantitativa mediante el método OPA. Paralelamente, se extrajo el ADN de los aislados para la secuenciación de sus genomas mediante la tecnología Illumina. El análisis de los resultados reveló la presencia de elementos clave del sistema proteolítico en todos los aislados, aunque se observaron diferencias entre cepas, lo que podría estar relacionado con variaciones en la eficiencia y especificidad de la proteólisis.

Palabras clave: Proteólisis leche, *Yarrowia lipolytica*, *Staphylococcus equorum*, *Kocuria rhizophila*, *Enterococcus faecalis*

Financiación: FPI PRE2022-101965 (M. Lozano), asociada a PID2021-127362OB-I00 financiado por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y “FEDER Una manera de hacer Europa”. PID2024-162402OB-I00



OS6-06

Biosurfactantes de cepas de *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp. con potencial antimicrobiano frente a patógenos de entornos alimentarios

Aragón, A*, Jara, J, Hernando, N, Jurado, R, Fernández, L, Orgaz, B.

Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro, s/n, 28040 Madrid, Spain; ²Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, P.º Juan XXIII 1, 28040 Madrid, Spain

*alberara@ucm.es

Resumen

Los biosurfactantes (BS) son compuestos anfifílicos producidos por microorganismos capaces de reducir la tensión superficial, con potencial antimicrobiano y dispersante de biopelículas bacterianas. Por ello, la búsqueda de cepas productoras de BS y su posterior caracterización estructural podría guiar el desarrollo de formulaciones de limpieza más eficaces. Los objetivos de este trabajo fueron evaluar la producción de BS por aislados de *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp., optimizar su recuperación, caracterizar químicamente y explorar su actividad antimicrobiana.

Aislados de *Bacillus* spp. (n = 75) y de *Pseudomonas* spp. (n = 23) se cultivaron en medios mínimos salinos durante 48–144 h bajo agitación. La actividad BS se cribó midiendo la tensión superficial (ST) del sobrenadante libre de células (SLC) y de la fracción asociada a membrana. Los BS de aislados seleccionados se prepurificaron por precipitación ácida (pH 2, O/N, 4 °C) para determinar la concentración micelar crítica y evaluar la inhibición frente a *Staphylococcus aureus* en microplaca y difusión en agar. Para comprobar la naturaleza de los BS producidos, en 16 aislados de *Bacillus* se estudió la producción de BS mediante cromatografía líquida de ultra alto rendimiento (UHPLC; C18 con gradiente de acetonitrilo [ACN]), empleando un patrón comercial de surfactina. Posteriormente, los SLCs se sometieron a precipitación ácida (pH 2, O/N, 4 °C) y extracción en fase sólida (SPE) C18 gradiente de ACN. Las fracciones obtenidas se analizaron por UHPLC y las fracciones C–F (40–100% ACN) se combinaron, eliminándose disolventes y agua por rotavapor y liofilización. En *Pseudomonas*, los SLCs se fraccionaron mediante cromatografía líquida (LC), empleando Amberlite XAD-2 y gradiente de metanol, y las fracciones se analizaron por UHPLC. Las muestras se caracterizaron por cromatografía en capa fina (TLC), en placas de sílica gel 60 (cloroformo:metanol:agua [65:25:4]), reveladas con yodo, ninhidrina 2% y antrona. En paralelo, dichas fracciones se analizaron mediante espectroscopía infrarroja por transformada de Fourier (FTIR).

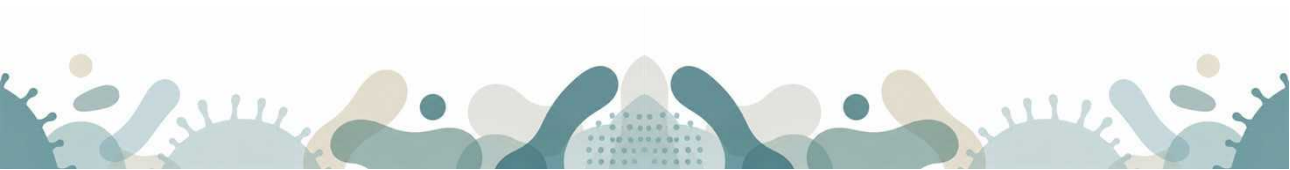
De los 75 aislados de *Bacillus*, 16 redujeron la ST respecto al control y 13/16 mostraron perfiles UHPLC compatibles con surfactina. Las fracciones C–F presentaron perfiles FTIR compatibles con lipopeptidos tipo surfactina y los resultados de TLC mostraron la presencia de compuestos hidrofóbicos con reactividad frente a ninhidrina. En dos cepas de *Pseudomonas*, se reveló en la fracción F (100% metanol) la presencia de compuestos coincidentes con mono-ramnolípidos. Los BS recuperados mostraron actividad frente a *S. aureus*, con reducciones de 2 log₁₀ UFC/mL en su CMI. En conjunto, estos resultados apoyan el potencial de aislados de *Bacillus* spp. y *Pseudomonas* spp. como fuente de BS con efecto antimicrobiano.

Palabras clave: Biosurfactantes, Caracterización química, Antimicrobianos, Patógenos alimentarios.

Financiación: Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, proyecto PID2022-139262OB-I00. Ministerio de Educación FPU21/04362 Aragón, A.



PÓSTERS SESIÓN 1





PS1-01

Bacteriocinas, un arma de doble filo: incremento de los riesgos asociados a fagos en fermentaciones lácteas

Rendueles, Claudia^{1*}, Rodríguez, Ana¹, Martínez, Beatriz¹

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias, CSIC. C/ Francisco Pintado Fe, 26. 33211 Oviedo, Asturias, Spain.

*claudia.rendueles@ipla.csic.es

Resumen

La presencia de bacteriófagos (fagos) que infectan a los cultivos iniciadores constituye una de las principales causas de fermentaciones fallidas o de mala calidad en la industria láctea. En este contexto, también es frecuente la presencia de bacteriocinas, que pueden añadirse de forma intencionada por su papel en bioconservación, pero también pueden originarse *in situ* debido a la presencia de cepas productoras dentro de los propios cultivos iniciadores o adjuntos.

En estudios previos dentro de nuestro grupo, pusimos de manifiesto interacciones positivas entre bacteriocinas y bacteriófagos *in vitro*, que sugerían un posible incremento en el riesgo de fermentaciones fallidas en caso de una contaminación por fagos en presencia de bacteriocinas.

A lo largo de este trabajo, se abordó el estudio de estas interacciones en mayor profundidad, evaluando su impacto en las fermentaciones lácteas.

Por un lado, el análisis del tamaño de placa de lisis de diversos fagos en medio de cultivo en presencia y ausencia de bacteriocina demostró la existencia de interacciones positivas entre la nisina y algunos fagos de *Lactococcus lactis* y *Lactococcus cremoris*, confirmando el efecto previamente observado con el fago sk1 con otros fagos pertenecientes a distintos grupos. Asimismo, empleando el fago sk1 como modelo, estos ensayos demostraron que este efecto sinérgico con las bacteriocinas nisina y lactococina 972 (Lcn972) depende del nivel de resistencia a la bacteriocina de la cepa empleada.

El impacto de estas interacciones se evaluó además en fermentaciones lácteas, analizando para ello la tasa de acidificación de leche en diferentes condiciones. Por un lado, la acidificación de leche contaminada con el fago bIL170 por *L. lactis* IL1403 se vio más comprometida en presencia de nisina, poniendo de manifiesto que estas interacciones bacteriocina-fago también ocurren en una matriz más compleja como la leche. De forma similar, se comprobó en co-cultivos de *L. cremoris* MG1614 con la cepa productora de Lcn972, que la producción *in situ* de esta bacteriocina también ralentiza la tasa de acidificación de leche contaminada con el fago sk1, siendo este efecto más acusado en co-cultivos realizados con la cepa sensible a Lcn972 y sin diferencias significativas en el caso de una cepa resistente a Lcn972.

En conjunto, estos resultados refuerzan la hipótesis de que las bacteriocinas pueden potenciar el impacto negativo de los fagos en las fermentaciones lácteas. No obstante, la elevada especificidad de estas interacciones sugiere que su relevancia debe evaluarse caso por caso, pudiendo ser determinante, únicamente, bajo condiciones concretas.

Palabras clave: fagos, bacteriocinas, cultivos iniciadores, leche, sinergismo

Financiación: PID2023-149852OB-I00 (MCIU/AEI/10.13039/501100011033); IDE/2024/000721 (AGENCIA SEKUES, Gobierno de Asturias, FEDER, EU); Ayuda “Severo Ochoa” BP20 006 (G. Asturias)



PS1-02

Transferencia de genes de resistencia en entornos alimentarios

Bolívar, A, Rabasco-Vílchez, L, Medina, LM*, Possas, A, Pérez-Rodríguez, F

Departamento de Bromatología y Tecnología de los Alimentos y Unidad de Investigación Competitiva en Zoonosis y Enfermedades Emergentes de la Universidad de Córdoba (ENZOEM) - ceiA3.

*luismedina@uco.es

Resumen

La resistencia a los antibióticos (RA) es uno de los principales problemas en Salud Pública a nivel mundial. La cadena alimentaria desempeña un papel fundamental en la propagación de estas resistencias, debido al abundante uso de antibióticos en la producción primaria y diseminación en el medio ambiente. Para incorporar el papel de la transmisión de los genes de resistencia a los antibióticos (ARG) en el contexto de la evaluación cuantitativa de riesgos, es esencial recopilar datos sobre las tasas de transconjugación de los genes de resistencia a antibióticos (ARG) en la microbiota alimentaria y los patógenos.

El objetivo de este estudio fue recopilar y analizar datos cuantitativos sobre las tasas de transferencia de los ARG, identificando las especies donantes y receptoras más comunes, y examinando los principales factores de conjugación que influyen en la diseminación de los ARG en los ecosistemas microbianos con implicación alimentaria, constituyendo un resistoma alimentario.

Se ha llevado a cabo una amplia revisión bibliográfica utilizando bases de datos como PubMed (NIH), ScienceDirect, ResearchGate y Web of Science (WoS). La estrategia de búsqueda se basó en expresiones clave como «genes de resistencia a los antibióticos», «transferencia horizontal de genes», «microbiota alimentaria» y «patógenos transmitidos por los alimentos». Los resultados se extrajeron a partir de estudios experimentales primarios que presentaban datos cuantitativos sobre las tasas de transferencia de ARG en diversas simulaciones alimentarias.

La mayoría de las tasas de conjugación registradas procedían de ensayos de apareamiento con filtro en los que se utilizaron donantes de especies de lactobacilos y enterococos aislados de alimentos listos para el consumo o de alimentos fermentados. Entre los receptores se encontraban los mismos géneros, así como patógenos transmitidos por los alimentos, como *Listeria monocytogenes* y *Yersinia enterocolitica*. En general, los ARG estudiados se asociaban con la resistencia a la tetraciclina, la eritromicina, la gentamicina, la quinolona, la estreptomicina y los antibióticos glucopéptidos. Las tasas de conjugación recogidas oscilaron entre $4,4 \cdot 10^{-10}$ y 0,36. En el caso de los patógenos mencionados, se recogen datos de genes de resistencia a eritromicina y tetraciclina, con tasas de entre $1,9 \cdot 10^{-6}$ y $4,1 \cdot 10^{-8}$ para *L. monocytogenes*, y entre $8 \cdot 10^{-10}$ y $1,9 \cdot 10^{-7}$ para *Y. enterocolitica*. Se demostró que las condiciones de temperatura habituales en entornos alimentarios (es decir, 10-37°C) favorecen la transferencia de ARG.

Los datos cuantitativos recopilados en este estudio proporcionan una base para incorporar la dinámica de los ARG en las evaluaciones probabilísticas del riesgo microbiano. La introducción de estos valores como un factor genético para herramientas matemáticas, principalmente la microbiología predictiva, en el estudio de las dinámicas y las interacciones microbianas a lo largo de la cadena alimentaria, se plantea como un horizonte inmediato con prometedoras opciones de mejorar el conocimiento de las dinámicas microbianas y de transmisión de ARG de cara a valorar el impacto de los microorganismos patógenos transmitidos por los alimentos.

Palabras clave: Evaluación de riesgos; Microbiología predictiva; Genes de resistencia a antibióticos (ARG); Resistoma; Cadena alimentaria

Financiación: MINECO – Proyectos de Generación de Conocimiento 2024, PID2024-162394OB-I00



PS1-03

Selección de marcadores housekeeping para la identificación de *Pseudomonas* spp. en alimentos

Tabla, R.^{1*}, Simões, F.², Alvarenga, N.², Rodríguez-Pinilla, J.¹

¹Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura, Badajoz, España; ²Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Oeiras, Portugal.

*rafael.tabla@juntaex.es

Resumen

El género *Pseudomonas* constituye un grupo bacteriano altamente diverso que incluye numerosas especies asociadas al deterioro de alimentos. La identificación a nivel de especie dentro de este género resulta compleja debido a su elevada heterogeneidad genética y a las limitaciones del gen 16S rRNA, cuya baja resolución impide discriminar adecuadamente especies estrechamente relacionadas. En este contexto, se han propuesto distintos genes housekeeping como alternativas para mejorar la identificación taxonómica.

El objetivo de este trabajo ha sido analizar el comportamiento de distintos genes housekeeping utilizados habitualmente para la identificación de *Pseudomonas* spp. en aislados de origen alimentario, considerando aspectos técnicos y de resolución taxonómica.

Para ello, se estudiaron 54 aislados presuntivos de *Pseudomonas* spp. obtenidos de alimentos. Se evaluó la amplificación y especificidad de los genes *gyrB*, *rpoB* y *rpoD*, así como su capacidad para proporcionar asignaciones taxonómicas consistentes mediante comparación con bases de datos de referencia.

Los resultados mostraron diferencias entre los marcadores analizados. Los genes *rpoB* y *rpoD* presentaron mayores tasas de amplificación, mientras que *rpoD* destacó por su elevada especificidad, generando amplicones únicos en todos los casos analizados. Por el contrario, *rpoB* mostró una menor especificidad, con amplificaciones múltiples en una proporción relevante de aislados. En cuanto a la identificación, se observaron variaciones en la capacidad de los marcadores para proporcionar asignaciones consistentes, detectándose discrepancias en determinados grupos de aislados estrechamente relacionados.

En conjunto, los resultados ponen de manifiesto que los distintos marcadores presentan ventajas y limitaciones en función del criterio considerado, evidenciando la existencia de compromisos entre rendimiento técnico y capacidad discriminatoria. Estos hallazgos refuerzan la necesidad de emplear enfoques combinados para la identificación de *Pseudomonas* spp. en matrices alimentarias complejas.

Palabras clave: *Pseudomonas* spp.; Alimentos; Identificación molecular; Genes housekeeping

Financiación: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto 0100_TID4AGRO_4_E, cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa Interreg VI-A España-Portugal (POCTEP) 2021-2027



PS1-04

Efecto de la temperatura de fermentación sobre las características reológicas y sensoriales de kéfir de oveja

Abarquero, D^{1*}, Losada, M¹, Bueno, F¹, Delgado, D¹

¹Estación Tecnológica de la Leche, ITACYL, Junta de Castilla y León, Palencia (España)

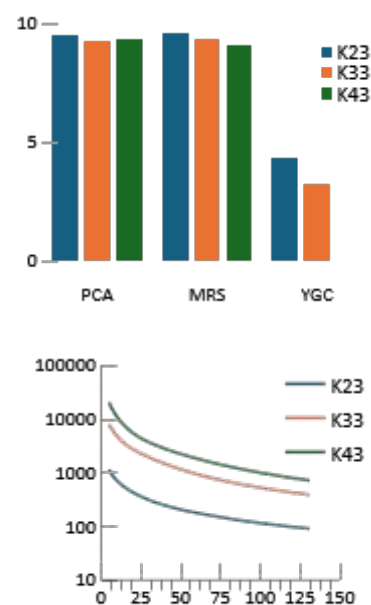
*abacamda@itacyl.es

Resumen

El kéfir es una leche fermentada resultante de la actividad simbiótica de bacterias ácido-lácticas y levaduras, que transforman la leche en un producto con propiedades sensoriales y textura características. Su creciente demanda ha impulsado la optimización de su producción y la exploración de nuevas materias primas. En este contexto, la leche de oveja destaca por su mayor contenido en proteína y grasa, con potencial impacto en las propiedades reológicas y sensoriales. El objetivo fue evaluar el efecto de la temperatura de fermentación sobre estas características en kéfir de leche de oveja.

A escala piloto, se elaboraron por triplicado tres lotes a 23, 33 y 43 °C. Se inocularon 5 L de leche con cultivos comerciales (XPL-30, K-12 y LAF-3; Chr. Hansen) y se incubaron hasta pH 4,60. Tras la fermentación, las muestras se envasaron y almacenaron a 4 °C. Se realizaron análisis microbiológicos (PCA, YGC, MRS), estudios reológicos y evaluación sensorial mediante un panel entrenado.

Los recuentos de microbiota mesófila se mantuvieron elevados y similares (9.2–9.5 log UFC/mL), mientras que las bacterias lácticas mostraron una ligera disminución con la temperatura y las levaduras se redujeron drásticamente, desapareciendo a 43 °C. Estos resultados evidencian que la temperatura afectó principalmente a la composición microbiana, favoreciendo el predominio de bacterias lácticas. La viscosidad (50 s⁻¹) aumentó significativamente con la temperatura (≈200 a >2000 mPa·s), mostrando comportamiento pseudoplástico, y la recuperación estructural se incrementó con la temperatura (19–48%), indicando una red más resistente asociada a mayor agregación de caseínas y producción de exopolisacáridos. Sensorialmente, el olor y sabor láctico-fresco y la cremosidad aumentaron con la temperatura, mientras que las notas acéticas-agrías fueron más intensas a 23 °C, en concordancia con la reducción de levaduras. En **conclusión**, la temperatura de fermentación modula la microbiota del kéfir, condicionando su textura, viscosidad y perfil sensorial final.



Palabras clave: Kéfir; Leche de Oveja; Reología; Análisis Sensorial.

Financiación: Fondos FEADER marco de la intervención 7162 de la PEPAC 2023-2027. Exp: nº008.



PS1-06

Aplicación del plasma atmosférico no térmico en el lavado de lechuga fresca: impacto en la seguridad microbiológica y la calidad del producto

Francés, Á*, Oliveira, M, Cordero-García, R, González-Raurich, M, Álvarez-Ordóñez, A, López, M

Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, 24071, León, España

*afranr@unileon.es

Resumen

La seguridad microbiológica de los vegetales frescos cortados, representa un reto para la industria alimentaria debido a fenómenos de contaminación cruzada durante su lavado, que pueden dar lugar a la presencia de patógenos, incluyendo *Listeria monocytogenes*. Aunque el hipoclorito sódico es el agente más utilizado para controlar estos problemas, presenta inconvenientes, como la formación de subproductos nocivos y la pérdida de eficacia en presencia de materia orgánica. En este contexto, el objetivo de este estudio fue evaluar el potencial del plasma atmosférico no térmico (PANT) como alternativa segura y eficaz a los compuestos clorados en el lavado de lechuga fresca cortada (LFC).

Para ello, se empleó un sistema de lavado dinámico (que imita las condiciones industriales) con recirculación de agua a 10 °C y un caudal de 240 L h⁻¹, realizando tres ensayos independientes, con (i) agua potable (control), (ii) agua tratada con PANT (175 V, 1600 Hz, 0,8 L·min⁻¹ de aire), (iii) agua con hipoclorito sódico (5 ppm de cloro libre). Durante 65 min se lavó LFC a un ritmo de 200 g·min⁻¹, recogiendo muestras de agua y producto en tres tiempos (inicio (1-5 min), mitad (30-35 min) y final (60-65 min)) para determinar la población viable de *L. monocytogenes*, previamente inoculada (10⁵ UFC mL⁻¹). Además, se almacenaron muestras lavadas de LFC a 4 °C durante 9 días para evaluar la evolución de la carga microbiana y el impacto en su textura y color. Asimismo, se llevó a cabo la caracterización fisicoquímica (pH, potencial redox, conductividad eléctrica, absorbancia a 254 nm, turbidez, demanda química de oxígeno, sólidos totales) del agua de lavado.

El tratamiento con PANT redujo en torno a 2,3 unidades logarítmicas la población de *L. monocytogenes* en el agua a lo largo de todo el ciclo de lavado, limitando su transferencia a la LFC. Tras el almacenamiento, no se detectó el patógeno en las muestras procesadas a partir de los 35 min, lo que sugiere un efecto combinado del plasma y la refrigeración en el control de este microorganismo. Además, cabe destacar que el PANT no afectó a la textura ni al color del producto. No obstante, el hipoclorito sódico mostró una mayor eficacia, manteniendo los recuentos microbianos, durante todo el proceso, por debajo del límite de detección.

En conclusión, el PANT resulta una estrategia prometedora para el mantenimiento de la calidad microbiológica del agua utilizada en el lavado de los vegetales frescos, debido a su capacidad para inactivar microorganismos sin afectar los atributos de calidad de los productos, aunque su implementación industrial requiere la optimización de los tratamientos para alcanzar la eficacia del cloro.

Palabras clave: plasma atmosférico no térmico, agua de lavado, *L. monocytogenes*, lechuga, calidad sensorial.

Financiación: este trabajo forma parte del proyecto TED2021-131427B-C22 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR. Ángel Francés es beneficiario de un contrato predoctoral (BOCYL-D-17102024-8) financiado por la Junta de Castilla y León y cofinanciado por el Fondo Social Europeo Plus (FSE+).



PS1-07

Inhibición de *Staphylococcus aureus* por consorcios sintéticos de microorganismos aislados de productos lácteos

Eva Fernández^{1,2*}, Pablo Moro¹, Javier Rodríguez^{1,2}, Baltasar Mayo^{1,2} y Ana Belén Flórez^{1,2}

¹Departamento de Microbiología y Bioquímica, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Francisco Pintado Fe 26, 33011-Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Avenida de Roma s/n, 33011-Oviedo, Asturias

*eva.fernandez@ipla.csic.es

Resumen

Introducción. La contaminación por *Staphylococcus aureus* representa un factor de riesgo relevante en la seguridad alimentaria, especialmente en quesos artesanales elaborados con leche cruda. Esta bacteria se asocia tanto a mastitis subclínicas como a deficiencias en las prácticas higiénicas durante el ordeño y el procesado de la leche. La alta virulencia de *S. aureus* se atribuye a su capacidad para crecer en un amplio rango de temperatura y la producción de enterotoxinas termoestables. En este contexto, una de las estrategias más efectivas para la inhibición de patógenos en queso es la utilización de cultivos protectores que refuercen la actividad antimicrobiana de los fermentos.

Objetivo. Evaluar la capacidad inhibitoria frente a *S. aureus* de cepas de bacterias y levaduras que constituyen la microbiota “core” del queso Cabrales, comparando su eficacia individual y combinada.

Material y métodos. Se evaluaron 12 cepas de especies distintas, individualmente y en consorcios, incluyendo bacterias ácido lácticas (BAL), bacterias no-BAL y levaduras. La actividad inhibitoria, tanto dependiente como independiente de contacto, se evaluó en medio de cultivo BHI mediante la medida de la densidad óptica y recuentos microbianos. Posteriormente, se seleccionaron algunos consorcios para su evaluación en leche.

Resultados. En los cultivos independientes de contacto, en los que se evaluó el crecimiento de *S. aureus* en los sobrenadantes en los que se habían cultivado las cepas y consorcios, se observó una gran inhibición (75-80%). El mayor efecto inhibitorio lo mostró la cepa de *Lactiplantibacillus plantarum*. Sin embargo, en el ensayo de co-cultivo, donde existe interacción entre microorganismos, se observó un efecto sinérgico entre cepas en la inhibición de *S. aureus*. Siendo los consorcios “BAL” (*Lactococcus lactis*, *Lactococcus cremoris*, *Lpb. plantarum*, *Leuconostoc mesenteroides*, *Lactocaseibacillus casei* y *Tetragenococcus koreensis*), “PROCARIOTAS” (que también incluye las especies *Staphylococcus caseorum*, *Brevibacterium linens* y *Corynebacterium variabile*) y “TODAS” (incorpora además las especies de levaduras *Geotrichum candidum*, *Debaryomyces hansenii* y *Kluyveromyces lactis*) los que mostraron mayor efecto inhibitorio, causando un descenso de 1-3 log₁₀ UFC mL⁻¹ en los recuentos del patógeno. El patrón de inhibición de los consorcios en los co-cultivos en leche se mantuvo. Sin embargo, la actividad inhibitoria fue muy superior con descensos en los recuentos de 3-5 log₁₀ UFC mL⁻¹ tras 48 h, lo que significó la eliminación de *S. aureus* del cultivo o recuentos de ≤10¹ UFC mL⁻¹.

Conclusión. El estudio evidencia el potencial de algunos de estos consorcios microbianos como estrategia de control frente al desarrollo de *S. aureus* en productos lácteos.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, inhibición de patógenos, microbiota del queso, BAL

Financiación: Proyectos del PN (PID2022-141271NB-I00) y Principado (IDE/2024/00073650916)



PS1-08

Rethinking food spoilage: linking microbial composition to spoilage outcomes in ready-to-eat meat products

Díaz, M^{1,2*}, Ponsero, A^{1,2}, Singh, D^{1,2}, Seecharran, T^{1,2}, Som, N^{1,2}, Al-Khanaq, H^{1,2}, Gutierrez, AV^{1,2}, Gilmour, M^{1,2}

¹Quadram Institute Bioscience; ²Center for Microbial Interactions;

*Maria.Diaz@quadram.ac.uk

Summary

Understanding food spoilage requires moving beyond single-organism perspectives to a community-level view of microbial composition. In ready-to-eat meat products, microbial communities are selected during processing and develop under refrigerated, modified atmosphere packaging conditions. However, how these communities collectively drive spoilage outcomes, such as discolouration, remains poorly understood, limiting our ability to manage spoilage in systems where preservation relies less on additives and more on controlling microbial communities.

Here, we investigate discolouration spoilage in wet-cured ham as a model system. Starting from the observed discolouration, we structured the study around three objectives: to define the nature of this discolouration, to identify candidate microorganisms driving this outcome, and to further characterise broader community-level changes associated with the spoilage outcome. These objectives were addressed by integrating physicochemical analyses with shotgun metagenomics, culture-based isolation, whole genome sequencing, and phenotypic characterisation.

First, physicochemical analyses using spectrophotometry and LC-MS showed that the discolouration corresponds to a loss of the characteristic pink colour of cured meat. LC-MS analysis indicated changes in heme-associated compounds, consistent with myoglobin degradation. Based on these observations and existing literature, we hypothesised that H₂O₂ production by bacteria drives discolouration through oxidative damage to the heme group.

Second, to identify microbial contributors, we combined metagenomic comparison of spoiled and non-spoiled samples with culture-based isolation. This integrated approach identified taxa significantly enriched in spoiled samples. Candidate species were prioritised based on differential abundance and genomic potential to produce H₂O₂, and five of these were experimentally confirmed to reproduce the discolouration phenotype under controlled conditions.

Finally, we examined broader differences in microbial community composition associated with spoilage beyond the organisms directly implicated in discolouration. While specific taxa were associated with spoilage, their detection alone was not sufficient to explain why discolouration occurred or was absent. Unspoiled products with shorter storage times under deep-chilling conditions exhibited a distinct microbiome characterised by the higher abundance of specific taxa, which was consistently depleted in samples with prolonged storage and in spoiled products. This shift suggests a loss of the initial community structure and the emergence of a simplified microbiota associated with spoilage. Together, these results indicate that spoilage is accompanied not only by the enrichment of specific microorganisms, but also by a shift in community structure characterised by the loss of taxa associated with non-spoiled conditions. This raises the possibility that maintaining or restoring the initial microbial community could represent a microbiome-based strategy to delay or prevent spoilage in reduced-preservative systems.

Palabras clave: Food spoilage, Food quality, Microbial communities, Shotgun metagenomics

Financiación: UK Food Safety Research Network



PS1-09

Efecto del cultivo iniciador y adjunto autóctono sobre la proteólisis de un queso de leche de burra y oveja

Duque C^{1*}, Martínez S¹, Carbajo C¹, Tornadijo M.E.¹, Abarquero D¹, Fresno J.M¹

¹Grupo BALAT, Dpto. Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León. 24071, León, España.

*cduqp@unileon.es

Resumen

La leche de burra ha despertado un notable interés debido a sus propiedades nutricionales, nutraceuticas, funcionales e inmunológicas. Sin embargo, la elaboración de queso exclusivamente con esta leche resulta inviable, debido a su bajo contenido en grasa y caseína y a la elevada concentración de compuestos antimicrobianos, que dificultan el desarrollo de cultivos iniciadores. Como alternativa, se ha planteado la elaboración de queso mediante la mezcla de leche de burra con leche de oveja que cuenta con mejor aptitud quesera. El objetivo del estudio fue evaluar la influencia de la incorporación de un cultivo iniciador adjunto autóctono sobre los procesos proteolíticos de un queso elaborado a partir de una mezcla de leche de oveja y burra durante el proceso de maduración.

Se elaboraron dos lotes de queso (control y experimental) a partir de una mezcla láctea compuesta por un 70 % de leche de oveja y un 30 % de leche de burra de la raza Zamorano-Leonesa. Para el queso control (C) se empleó un cultivo iniciador comercial constituido por cepas de *Lactococcus lactis* y *L. cremoris*, mientras que el lote experimental (E) fue elaborado con este mismo cultivo comercial y un cultivo autóctono adjunto constituido por una cepa de *Lacticaseibacillus casei* 007-ROG 2-2 y otra de *Lacticaseibacillus paracasei* 006-ROG 4-1. Se estudió la evolución de las principales fracciones nitrogenadas durante la maduración con el fin de conocer la extensión y la profundidad de la proteólisis.

El tiempo de maduración fue el principal factor determinante en la proteólisis en ambos lotes de queso, observándose un incremento significativo tanto en su extensión como en su profundidad con el transcurso de la maduración. La extensión de la proteólisis (%NS-pH 4,4/NT) aumentó desde valores iniciales cercanos al 13 % hasta aproximadamente 19,52 % y 19,80 % al final de la maduración en los quesos C y E, respectivamente, estando en consonancia con lo descrito por otros autores para quesos de oveja. De forma paralela, la profundidad de la proteólisis (%NS-TCA 12 %/NT) también mostró un incremento progresivo entre los 15 y 120 días, sufriendo un aumento entre ambos puntos de muestreo del orden de 2,3 y 3,3 veces para C y E, respectivamente.

Por el contrario, el tipo de cultivo empleado apenas tuvo efecto sobre la proteólisis, ya que los dos lotes presentaron una evolución similar al final del periodo de maduración. No obstante, se observaron diferencias significativas ($p < 0,05$) en etapas intermedias, concretamente a los 45 días para la extensión y a los 15 y 45 días para la profundidad, que podrían estar relacionadas con la actividad proteolítica específica de las cepas de *Lb. casei* y *Lb. paracasei* utilizadas.

Palabras clave: Leche de burra, leche de oveja, *fracciones nitrogenadas*, *cultivos adjuntos*, *maduración*

Financiación: Universidad de León, Proyecto D-477, Estación Tecnológica de la Leche (ITACyL) y Finca Buleza



PS1-10

Diseño de cepas reporteras fluorescentes para el estudio funcional de los sistemas TCS-D y TCS-G en *Lactococcus lactis***Alonso-Fernández, Sergio^{1*}; Campelo, Ana Belén¹; Martínez, Beatriz¹**¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), c/ Francisco Pintado Fe 26, 33011 Oviedo (Asturias)

*sergio.alonso@ipla.csic.es

Resumen

La pared celular es esencial para la supervivencia bacteriana y su integridad depende en gran medida de sistemas de dos componentes (TCS) capaces de detectar y responder a alteraciones de la misma. En *Lactococcus lactis* existen dos TCSs implicados en la respuesta a estrés de la pared celular: TCS-D (CesSR) y TCS-G, ortólogos de los TCSs LiaSR y BceRS de *Bacillus subtilis*. El objetivo de este trabajo ha sido el desarrollo de herramientas basadas en fluorescencia para caracterizar, de un modo sistemático, la activación de ambos sistemas frente a distintos estresores que afectan a la pared celular.

Para ello, construimos plásmidos basados en pPCR (1) creando fusiones traduccionales de los promotores PcesF (TCS-D) y PysaD (TCS-G) con el gen *mrfp* que codifica la proteína fluorescente mCherry. *L. lactis* IL1403 se transformó por electroporación generando las cepas reporteras multicopia IL1403/pTCS-D y IL1403/pTCS-G. Cultivos en fase exponencial se expusieron a una batería de compuestos que alteran la síntesis o la integridad de la pared celular a concentraciones inhibitorias y subinhibitorias determinadas previamente.

Los resultados demostraron una respuesta proporcional a la concentración del inhibidor y patrones diferenciales de activación: TCS-D se induce específicamente en presencia de vancomicina y lactococina 972, mientras que la bacitracina activa tanto TCS-D como TCS-G. En este último caso, TCS-G es más sensible al estrés causado por este antibiótico, dado que se activa a concentraciones más bajas que las detectadas por TCS-D. En su conjunto, estos resultados sugieren cierta especialización de los TCS frente a los estímulos analizados.

Con el fin de validar estos resultados, descartar efectos derivados de la dosis génica y garantizar una mayor estabilidad en ausencia de antibióticos, generamos cepas reporteras monocopia IL1403-mTCS-D e IL1403-mTCS-G. Para ello, fue necesario diseñar el vector de integración pGhost9::bIL310 en el que se clonaron las regiones flanqueantes del profago defectivo bIL310 de *L. lactis* IL1403, el cual fue reemplazado por los casetes reporteros. Los ensayos preliminares indican que, en el caso de TCS-D, se obtienen factores de inducción similares a las cepas reporteras multicopia. Por el contrario, la baja actividad basal del promotor PysaD dificulta cuantificar su respuesta y el procedimiento debe ser optimizado. En su conjunto, las herramientas generadas nos permitirán profundizar en la respuesta al estrés de la pared celular en *L. lactis* y abordar la caracterización funcional de TCS-D y TCS-G.

(1) Mohedano *et al.* 2015, DOI: 10.1007/s10295-014-1567-4**Palabras clave:** *Lactococcus lactis*, TCS, pared celular, regulación génica**Financiación:** PID2023-149852OB-I00 (MCIU /AEI /10.13039/501100011033 / FEDER, EU) y Grant IDE/2024/000721 (AGENCIA SEKUENS, Gobierno de Asturias and FEDER, EU).



PS1-11

Análisis genómico de cepas de *Brevibacterium linens* aisladas de queso de Cabrales

Pablo Moro^{1*}, Javier Rodríguez^{1,2}, Souvik Das³, Eva Fernández^{1,2}, Ana Belén Flórez^{1,2} y Baltasar Mayo^{1,2}

Afiliaciones: ¹Departamento de Microbiología y Bioquímica, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Francisco Pintado Fe 26, 33011-Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Avenida de Roma s/n, 33011-Oviedo, Asturias; ³CSIR, North East Institute of Science and Technology (NEIST), NH-37, Pulibor, Jorhat Assam, India

*pablo.moro@ipla.csic.es

Resumen

Introducción: Las bacterias del género *Brevibacterium* se encuentran en elevada abundancia en la superficie de quesos de corteza lavada como Limburger, Munster, Brick, Tilsiter y Appenzeller, donde desempeñan un papel clave en el desarrollo de sus propiedades organolépticas, incluyendo textura, color, aroma y sabor. Mediante técnicas metataxonómicas, nuestro grupo ha identificado de forma reciente poblaciones significativas de brevibacterias en queso de Cabrales (Rodríguez et al., 2025; *Foods*, 14: 2366; doi: 10.3390/foods14132366), lo que ha permitido el desarrollo de medios de cultivo para su aislamiento (semi)selectivo. Dada su posible implicación en la maduración de este queso, se está llevando a cabo la caracterización fenotípica y genética de diversos aislados de brevibacterias con el fin de seleccionar los más adecuados como cultivos adjuntos de maduración. La caracterización incluye la secuenciación completa y el análisis comparativo de sus genomas. En este trabajo se describen las principales características genómicas de nueve cepas de *Brevibacterium linens*.

Material y Métodos: ADN genómico de las cepas fue secuenciado mediante Illumina y las secuencias ensambladas con Unicycler y anotadas mediante el servidor del NCBI. El análisis se realizó empleando diversas bases de datos y herramientas bioinformáticas, como PlasmidFinder, BAGEL4, PHASTER y CRISPRCasTyper, junto con comparaciones directas de genes y proteínas.

Resultados: En promedio, los genomas presentaron un tamaño de 3,83 Mb, un contenido de G+C del 64,8 % y alrededor de 3430 secuencias codificantes. Se observó una alta abundancia de secuencias de inserción, junto con escasas secuencias de origen fágico y uno o ningún gen asociado a replicación plasmídica. Desde el punto de vista de la seguridad alimentaria, no se detectaron secuencias repetidas ni genes asociados a sistemas CRISPR-Cas. Asimismo, no se identificaron genes relacionados con patogenicidad, virulencia o resistencia adquirida a antibióticos. En relación con los procesos de maduración del queso y su posible aplicación como cultivos adjuntos, las cepas mostraron una notable diversidad de genes implicados en el metabolismo proteolítico y lipolítico (12–15 proteasas, más de 60 peptidasas y 28–31 lipasas/esterasas), así como agrupaciones génicas para la biosíntesis de péptidos antimicrobianos (linaridinas, linocinas y/o sactipeptidos).

Conclusión: Algunas cepas caracterizadas están listas para su ensayo como cultivos de maduración. Estos podrían servir para reproducir el aroma y sabor típicos del queso de Cabrales, como fermentos para otras variedades o para diversificar las propiedades sensoriales de otros productos fermentados.

Palabras clave: Microbiota del queso, genómica, cultivos adjuntos, cultivos de maduración, *Brevibacterium*, *Brevibacterium linens*

Financiación: Proyectos del PN (PID2022-141271NB-I00) y Principado (IDE/2024/00073650916)



PS1-12

Identificación molecular de las comunidades microbianas aisladas de bagazo de manzana

Paula Martín-Vicente^{1,2*}, Pedro Riesco^{1,2}, Inés Calvete-Torre^{1,2}, Lorena Ruiz^{1,2}, Abelardo Margolles^{1,2}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), c/Francisco Pintado Fe, 26, 33011 Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA).

*paula.martin@ipla.csic.es

Resumen

El bagazo de manzana, o magaya, el subproducto sólido generado durante la producción de sidra, alberga un ecosistema microbiano complejo cuya biodiversidad está poco caracterizada. En este estudio, se identificaron aislados microbianos obtenidos de fermentaciones de magaya de las campañas de producción de sidra “DOP Sidra de Asturias” de 2021 y 2023, con el objetivo de mejorar el conocimiento de las comunidades microbianas asociadas a este sustrato y explorar posibles aplicaciones biotecnológicas de las nuevas cepas.

La magaya se dejó fermentar de forma espontánea y se sembró en una batería de medios de cultivo seleccionados para el aislamiento de diferentes tipos de microorganismos, fundamentalmente bacterias lácticas y acéticas, y levaduras. La identificación molecular de una selección representativa de los aislados obtenidos se llevó a cabo mediante amplificación por PCR de la región ITS, en el caso de las levaduras, y del gen ARNr 16S, en el caso de las bacterias. Los productos de PCR fueron secuenciados y las secuencias resultantes se analizaron con el software UGENE para seleccionar regiones de alta calidad y cobertura óptima. La asignación taxonómica se realizó utilizando la herramienta BLAST del NCBI.

Se identificaron con éxito un total de 399 aislados, correspondientes a aproximadamente 77 especies microbianas distintas. Las levaduras representaron el grupo dominante, con un 62% del total de aislados, mientras que el resto incluyó bacterias ácido lácticas, bacterias ácido acéticas y otros taxones bacterianos.

Los resultados revelaron una elevada diversidad microbiana asociada a las fermentaciones de magaya y ponen de manifiesto el predominio de las levaduras en este entorno. La identificación de esta colección constituye una base valiosa para futuros estudios centrados en la ecología microbiana, la dinámica de las fermentaciones y el uso biotecnológico de cepas seleccionadas procedentes de subproductos de la sidra.

Palabras clave: Fermentación de Magaya; Diversidad Microbiana; Identificación Taxonómica; Microbiología de Alimentos.

Financiación: Los autores agradecen la financiación económica recibida a través de las ayudas CSIC 202370E168 y ayuda para grupos IDE/2024/000704 (GRU-GIC-24-025) financiada por SEKUENS.



PS1-13

Análisis integral de microbiomas y resistomas en carne y entornos de procesamiento cárnico**Elena Fernández-Trapote^{1,2}, José Francisco Cobo-Díaz^{1,2,3}, Avelino Álvarez-Ordóñez^{1,2,3*}**

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, León, España; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, León, España; ³Instituto de Investigación Biosanitaria de León, Universidad de León, León, España

*aalvo@unileon.es

Resumen

La resistencia a los antimicrobianos supone una de las principales amenazas para la salud global. A este problema se suma la posibilidad de transmisión de resistencias a través de la cadena alimentaria. El objetivo de este estudio fue caracterizar microbiomas y resistomas de diferentes tipos de carne, así como diferentes superficies de la industria cárnica para conocer su implicación en la propagación de genes de resistencia a antimicrobianos (GRAs), partiendo de todos los metagenomas disponibles a partir de estudios previos en la literatura. En total se analizaron 627 muestras de materias primas, productos derivados y superficies en industrias cárnicas (porcino, vacuno y avícola), todas ellas secuenciadas mediante tecnología de lecturas cortas (Illumina). Se filtraron las lecturas obtenidas en función de su calidad y longitud mediante Trim Galore y se clasificaron taxonómicamente mediante Kraken2 usando la base de datos PlusPF modificada a la cual se añadieron genomas tipo de especies encontradas como genomas ensamblados desde metagenomas en industria cárnica en trabajos previos. La búsqueda de GRAs se llevó a cabo mediante la base de datos Resfinder utilizando bowtie2 como software de homología/alineación. El ensamblaje de las lecturas se realizó mediante metaSPAdes y los contigs obtenidos se alinearon contra la base de datos Resfinder utilizando blastn como software de homología/alineación y, posteriormente, se asignaron taxonómicamente siguiendo la metodología descrita anteriormente. Para analizar los elementos genéticos móviles (EGM) presentes, se emplearon las herramientas Platon, PlasmidFinder, IntegronFinder, MeFinder y Genomad. La composición bacteriana mostró una alta abundancia relativa de los géneros *Pseudomonas*, *Psychrobacter* y *Acinetobacter*. Por otro lado, el análisis del resistoma mostró un perfil de GRAs diferente entre las superficies provenientes de industrias avícolas con respecto a las de porcino y vacuno. Los genes más abundantes se asocian con la resistencia a antibióticos de las familias de las tetraciclinas, los beta-lactámicos, los aminoglucósidos y las estreptograminas. Las canales de pollo presentaron la mayor riqueza y diversidad de GRAs en comparación con el resto de materias primas y productos derivados. Además, se observó una menor abundancia de GRAs en los cortes de porcino con respecto a sus diferentes productos derivados (curados y fermentados). El análisis de los contigs mostró que los principales géneros asociados con GRAs fueron *Staphylococcus*, *Acinetobacter* y *Aeromonas*. Se identificaron distintos EGM, como plásmidos, transposones, integrones y secuencias de inserción, en contigs que contenían GRAs. En conjunto, los resultados proporcionan una visión exhaustiva del microbioma y el resistoma presentes en diferentes carnes y superficies asociadas, facilitando una evaluación más precisa de los riesgos vinculados al consumo de estos productos.

Palabras clave: metagenomas, microbioma, resistoma

Financiación: Este trabajo fue financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2020-118813GB-I00). EFT recibe una beca predoctoral (FPU) del Ministerio de Universidades de España)



PS1-14

Estrategias sostenibles para potenciar la fermentación maloláctica en vino: uso de subproductos enológicos y de levaduras no-*Saccharomyces*

Rodríguez-Rey, J.¹, Toraño¹, P., Ruiz-de-Villa, C.², Poblet, M.², Bordons, A.¹, Balmaseda, A.¹, Rozès, N.², Reguant, C.^{1*}

Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Facultat d'Enologia, ¹ Grup de Biotecnologia Enològica, ² Grup de Biotecnologia Microbiana dels Aliments. C/ Marcel·lí Domingo 1, 43007, Tarragona, España

*cristina.reguant@urv.cat

Resumen

Este trabajo tiene como objetivo evaluar el potencial de distintas estrategias destinadas a mejorar el desarrollo de la fermentación maloláctica (FML) en vino. Esta fermentación es un proceso clave en la elaboración de vinos tintos y blancos con elevada acidez, y es realizada principalmente por *Oenococcus oeni*. La FML contribuye a disminuir la acidez, y potenciar la estabilidad microbiológica y a la calidad sensorial del producto final, aunque su desarrollo está condicionado por un entorno adverso caracterizado por bajo pH, elevada concentración de etanol y escasez de nutrientes.

En primer lugar, se evaluó el efecto de la adición de lías de vino, subproducto natural de la vinificación. Se emplearon lías procedentes de distintas vinificaciones con el objetivo de evaluar su capacidad para acelerar la FML y favorecer la adaptación bacteriana. Los resultados obtenidos se asociaron a la liberación de compuestos como aminoácidos, péptidos, manoproteínas, ácidos grasos y antioxidantes, los cuales contribuyen a mejorar el metabolismo y la tolerancia al estrés de *O. oeni*. Asimismo, los estudios transcriptómicos y proteómicos de *O. oeni* corroboraron el efecto positivo de la adición de lías sobre la respuesta bacteriana a las condiciones desfavorables del vino.

Por otra parte, se evaluó el efecto del uso de *Torulaspora delbrueckii* en combinación con *S. cerevisiae* sobre la FML. La presencia de *T. delbrueckii* favoreció el desarrollo de la FML, acelerando su inicio y reduciendo su duración. Este efecto se relacionó con un aumento en la concentración de manoproteínas disponibles para las bacterias, entre otros posibles factores beneficiosos.

Finalmente, se estudió el papel específico de las manoproteínas como fuente de nutrientes para *O. oeni*. La adición de extractos de manoproteínas de levadura resultó ser eficaz en la estimulación de la FML. Se pudo asociar un efecto más beneficioso sobre la FML a manoproteínas de mayor peso molecular y contenido proteico. Asimismo, se observó un consumo diferencial de estas moléculas por parte de *O. oeni*, confirmando su aprovechamiento metabólico.

En conjunto, los resultados destacan el potencial de las lías como aditivos naturales y sostenibles, ricos en manoproteínas, para mejorar la FML. También se confirmó el interés del uso de levaduras como *T. delbrueckii* para la activación de la FML. Estas aproximaciones no solo contribuyen a optimizar la eficiencia fermentativa, sino que también promueven la valorización de subproductos y el desarrollo de prácticas alineadas con la economía circular y la sostenibilidad en el sector vitivinícola.

Palabras clave: *Oenococcus oeni*, fermentación maloláctica, lías de vino, manoproteínas, *Torulaspora delbrueckii*

Financiación: Proyectos PID2024-158077OB-I00, PID2021-124943OB-I00, PGC2018-101852-B-I00 financiados por el MICIU / AEI / 10.13039/501100011033 / FEDER, UE. JR, PT, CRV agradecen las ayudas 2021PMF-PIPF-3, 2019PMF-PIPF-44 (URV) y 2020 FISDU 00359 (GenCAT), respectivamente.



PS1-15

perspectivas mediante metabarcoding sobre la supervivencia a largo plazo de *Lachancea thermotolerans* en sistemas de fermentación de aceitunas

Penco-Parra, D*, Gil-Flores, P, Bautista-Gallego, J

Departamento de Ciencias Biomédicas (Área de Microbiología), Facultad de Ciencias, Universidad de Extremadura, 06006 Badajoz, Spain

*davidpp@unex.es

Resumen

Las aceitunas de mesa representan uno de los productos vegetales fermentados de mayor consumo global, concentrando su producción principalmente en la cuenca mediterránea. No obstante, el sector se enfrenta a retos tecnológicos críticos, especialmente en lo que respecta a la baja tasa de supervivencia inicial y la deficiente tasa de implantación de los cultivos iniciadores comerciales. Esta problemática ha impulsado la búsqueda de microorganismos alternativos que presenten una mayor plasticidad adaptativa y un potencial biotecnológico superior.

En el presente estudio, se evaluó el impacto y supervivencia de cepas seleccionadas de *Lachancea thermotolerans* en fermentaciones de aceitunas verdes estilo español, dada su alta capacidad de producción de ácido láctico y su resiliencia a diferentes tipos de estrés típicos de estos procesos. Para ello, además se realizó una inoculación secuencial con *Lactiplantibacillus plantarum*. El seguimiento de la cinética fermentativa se realizó mediante análisis fisicoquímicos y microbiológicos. Asimismo, se llevó a cabo un estudio mediante metabarcoding para caracterizar la dinámica de poblaciones en cada fermentador estudiado, y determinar la influencia de la inoculación con *L. thermotolerans*. Finalmente, los productos finales obtenidos fueron evaluados a nivel sensorial.

Los resultados evidenciaron una persistencia notable y prolongada de las cepas de *L. thermotolerans* durante el proceso fermentativo, manteniendo niveles de abundancia elevados hasta más de tres meses. Esta viabilidad a largo plazo difiere del declive habitual observado en los cultivos iniciadores convencionales, lo que destaca la gran capacidad de sobrevivir y colonizar de estas levaduras tanto a nivel de salmuera como a nivel de biofilm en la superficie de la aceituna.

Desde un prisma tecnológico, el empleo de *L. thermotolerans* no solo optimizó la estabilidad microbiana, sino que mejoró los atributos de calidad. Además, el análisis sensorial reflejó que las muestras inoculadas con estas cepas obtuvieron puntuaciones superiores respecto a los controles.

En conclusión, las cepas de *L. thermotolerans* analizadas poseen un alto potencial como cultivos iniciadores robustos para la industria oleícola, avalado por su excepcional persistencia detectada mediante metagenómica. Estos hallazgos respaldan su uso como estrategia para incrementar la fiabilidad del proceso y la calidad del producto, siendo necesaria la validación de estos resultados en ensayos a escala industrial.

Palabras clave: aceitunas de mesa, levaduras, *Lachancea thermotolerans*, fermentación, análisis metabarcoding

Financiación: Proyecto PID2021-125864OA-I00 financiado por MICIU/AEI/10.13039/ 501100011033/ y por FEDER. David Penco-Parra y Patricia Gil-Flores agradecen sus contratos de investigación PCI IN000616 y IN000286 financiados por MICIU y FEDER, respectivamente.



PS1-16

DESARROLLO Y CARACTERIZACIÓN DE KÉFIR EN POLVO POR SECADO POR ASPERSIÓN

Fernández-Pacheco, P^{1*}, Quintal-Castillo, R^{2*}, Arévalo-Villena, M¹, Moo-Huchim, V², Tenorio-Salgado, S², Cuevas-Glori, L², Solís-Pereira, S², Vega-Magaña, A³, Lizama-Uc, G².

¹Departamento de Química Analítica y Tecnología de Alimentos, Facultad de Ciencias Químicas y Tecnologías-Instituto Regional de Investigación Científica Aplicada Irica (IRICA), Universidad de Castilla-La Mancha, Avenida Camilo José Cela s/n, 13071 Ciudad Real, España; ²División de Posgrado, Tecnológico Nacional de México-Instituto Tecnológico de Mérida, Avenida Tecnológico, 97118, Mérida, Yucatán, México; ³Departamento de Microbiología y Patología, Instituto de Investigación en cáncer e infecciones, Universidad de Guadalajara, Sierra Mojada 950, Colonia Independencia Oriente, 44340, Guadalajara, Jalisco, México.

*pilar.frodriguez@uclm.es; ricardo.qc@merida.tecnm.mx

Resumen

El kéfir es un producto lácteo fermentado elaborado a partir de gránulos compuestos por una comunidad simbiótica de bacterias ácido-lácticas, bacterias ácido-acéticas y levaduras, el cual presenta efectos beneficiosos en la salud. Sin embargo, su presentación líquida presenta limitaciones asociadas a su corta vida útil, a los cuidados requeridos en la manipulación de los gránulos, así como a la necesidad de refrigeración y a las dificultades en su almacenamiento y distribución. El objetivo de este estudio fue obtener y caracterizar un producto de kéfir en polvo, evaluando su efecto sobre la viabilidad microbiana y sus propiedades funcionales.

El kéfir fue sometido a un proceso de secado por aspersión empleando temperaturas de entrada en el rango de 110-130°C y concentraciones de maltodextrina 10–30 % como agente encapsulante, bajo un diseño experimental de superficie de respuesta. A los polvos obtenidos se les realizaron análisis fisicoquímicos, microbiológicos y funcionales. Asimismo, se evaluó la capacidad de reconstitución del producto y su potencial para reactivar la fermentación láctica.

Las condiciones óptimas del proceso se establecieron a 120 °C y 10 % de maltodextrina, obteniéndose recuentos microbianos de 1.31×10^8 ufc/g para bacterias y 6.7×10^3 ufc/g para levaduras. Se registraron valores de higroscopicidad 4.74 g/100g, humedad de 6.7% de (<10 %), tiempo de rehidratación 90s, densidad aparente de 0.49 g/ml y rendimiento de 47.93 %, lo que indica un balance favorable entre viabilidad microbiana, rendimiento y calidad del producto. Adicionalmente, el kéfir en polvo conservó una capacidad antioxidante significativa de 508.55 mg EAA/100 g secos en el caso de ABTS y de 18 mg EAA/100 g secos en CUPRAC. Asimismo, el producto mostró adecuada capacidad de rehidratación y aptitud para reiniciar el proceso fermentativo.

En conclusión, el kéfir en polvo obtenido por secado por aspersión representa una alternativa tecnológica viable frente al kéfir líquido, al mejorar su estabilidad, facilitar su manejo y ampliar sus aplicaciones en el desarrollo de alimentos funcionales, sin comprometer de manera significativa sus propiedades probióticas y bioactivas.

Palabras Clave: Kéfir en polvo; secado por aspersión; probióticos; propiedades funcionales; propiedades fisicoquímicas.



PS1-18

Influencia del sistema de producción en la microbiota de leche cruda de granjas del noroeste de España**Sanjulián, L, González Rodríguez, N, Fernández-Rico, S, Fente, C, Regal, P, Lamas, A.***

Laboratorio de Higiene, Inspección y Control de Alimentos (LHICA-USC), Departamento de Química Analítica, Nutrición y Bromatología, Facultad de Veterinaria, Campus Terra, Universidad de Santiago de Compostela (USC), 27002 Lugo, España

*alexandre.lamas@usc.es

Resumen

La leche cruda tiene una composición microbiana compleja. La carga microbiana inicial de la leche procedente de animales sanos es relativamente baja y va adquiriendo nuevos microorganismos desde el ordeño hasta su almacenamiento en el tanque refrigerado. La calidad microbiológica de la leche es importante para la seguridad alimentaria, los procesos tecnológicos y la calidad del producto final. Durante procesos como la pasteurización, se eliminan la mayoría de los microorganismos, pero pueden persistir bacterias formadoras de esporas y otros microorganismos resistentes. Además, la presencia de microorganismos que causan deterioro, como *Pseudomonas* spp., puede dar lugar a la presencia de enzimas termorresistentes, como proteasas o lipasas que pueden deteriorar el producto final. Uno de los factores que puede influenciar la microbiota de la leche es el manejo. Por ello, el objetivo de este trabajo es determinar si el tipo de producción lechera (intensivo (INT), intensivo con ordeño robotizado (ROB), pastoreo (PAS), ecológico (ECO)) influencia la microbiota de la leche. Se analizó la comunidad microbiana de 28 muestras (7 por grupo) de leche cruda de tanque recolectadas en granjas del noreste de Galicia y Asturias Occidental. Los perfiles de microbiota fueron determinadas mediante secuenciación del 16s rRNA empleando la tecnología Illumina y el programa MicrobiomeAnalyst fue usado para el análisis de los resultados. La diversidad alfa, fue comparable en los cuatro tipos de producción ($p=0,73194$) pero con una mayor dispersión en ORG, PAS y ROB en comparación con INT. La diversidad beta mostró cierto efecto del sistema de producción, pero sin diferencias significativas entre los grupos (R cuadrado: 0,13454, $p = 0,07$). De forma similar a la diversidad alfa, las muestras de producción de ORG, PAS y ROB mostraron mayor dispersión que INT en el PCoA. La microbiota de la leche estuvo dominada principalmente por el filo Firmicutes (0,3536–0,4683), seguido de Actinobacteria (0,2315–0,3242) y Proteobacteria (0,2074–0,3352). El cuarto filo más abundante fue Bacteroidota (0,0328–0,0771). En cuanto a los análisis univariados, se observaron diferencias significativas para *Streptococcus agalactiae* ($p = 7,6 \times 10^{-5}$, FDR = 0,043). Las lecturas de este patógeno solo se observaron en producción intensiva (6/7 granjas) con una abundancia relativa media del 2,36 %. En ROB se observaron diferencias significativas para *Sphingomonas leidy* ($p=4,1449 \cdot 10^{-4}$) y *Ralstonia insidiosa* ($p=0,0012$), aunque no superaron el test de FDR. El sistema de producción no produce cambios globales significativos en los perfiles de microbiota pero si influye en la presencia de determinadas especies que pueden tener influencia en la calidad de la leche.

Palabras clave: Microbiota, leche, tipo de producción, ecológico, pastoreo.



PS1-19

Análisis de la cinética de crecimiento de los linajes I y II de *Listeria monocytogenes* durante la elaboración de queso fresco de cabra

Baenas-Soto, A. B.^{1,2*}, Fernández-Escámez, P. S.^{1,2}, Bodea, I.M.^{1,2}, Garre, A.^{1,2}

¹Grupo de Ingeniería del Frío y de la Seguridad Alimentaria, Departamento de Ingeniería Agronómica, Universidad Politécnica de Cartagena, Paseo Alfonso XIII, 48, 30203 Cartagena, Murcia, España; ²Instituto de Biotecnología Vegetal, Universidad Politécnica de Cartagena, Edificio I+D+I. Campus Muralla del Mar, Cartagena, 30202, Murcia, España.

*ana.baenass@upct.es

Resumen

La listeriosis es una de las enfermedades de transmisión alimentaria más relevantes en alimentos listos para el consumo, con el queso fresco habiendo estado implicado en diversos brotes. Debido a la importancia de la cinética de crecimiento de este microorganismo para el análisis de riesgos, este trabajo estudia cómo la capacidad de crecimiento de *Listeria monocytogenes* se ve afectada por la temperatura de almacenamiento y la competición con bacterias acidolácticas (BAL). Así mismo, el estudio considera si existe una variabilidad entre cepas de los linajes I y II, ya que el primero se considera hipervirulento.

Se desarrolló un protocolo para obtener muestras de queso fresco de cabra a escala de laboratorio. Las muestras fueron inoculadas con cultivos bacterianos. Se inocularon independientemente cuatro cepas de *L. monocytogenes* (399 y 397 pertenecientes al linaje I y EGD-e y 4 del linaje II). Las muestras se almacenaron a 4°C o 25 °C, realizando recuentos microbiológicos de *L. monocytogenes* y de BAL en diferentes puntos, así como evaluación de parámetros fisicoquímicos (pH y Aw). Los datos se analizaron utilizando modelos de competición típicos de microbiología predictiva.

Los resultados evidenciaron que las BAL son un elemento clave para el control de *L. monocytogenes*. En las muestras almacenadas a 25°C, se observó cómo BAL inhibe el crecimiento de *L. monocytogenes* al alcanzar la fase estacionaria (~24 h). Esto se podría asociar a competición bacteriana (efecto Jameson), una interpretación que se ve reforzada por los resultados obtenidos a 4°C. En este caso, BAL no fue capaz de crecer, mientras que todas las cepas de *L. monocytogenes*, debido a la ausencia de microbiota competitiva, fueron capaces de alcanzar la fase estacionaria con concentraciones mayores que las observadas a 25°C. Las cepas de ambos linajes presentaron resultados similares, los cuales son de gran importancia para el control del riesgo de listeriosis en queso fresco, ya que evidencian la relevancia de las BAL para el control de *L. monocytogenes*. Ya que estos productos se almacenan en refrigeración, es crucial que ésta no se produjera antes de que BAL alcance la fase estacionaria.

Palabras clave: microbiología predictiva, seguridad alimentaria, cinética de crecimiento, competición

Financiación: Proyecto “CUANTIFICANDO LAS DIFERENCIAS FISIOLÓGICAS ENTRE LOS LINAJES I Y II DE *LISTERIA MONOCYTOGENES* ¿LISTERIOSIS NECESITA DOS ANALISIS DE RIESGOS INDEPENDIENTES? (PID2024-160335OA-I00)” financiado por la Agencia Estatal de Investigación.



PS1-20

Caracterización de la microbiota bacteriana y fúngica de jamones ibéricos de larga curación mediante secuenciación masiva

Rubio B.^{1*}, Blanco L.¹, Casero V.¹, González-García P.², Garita-Cambronero J.²

¹Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL). Estación Tecnológica de la Carne. C/ Filiberto Villalobos s/n, 37770 Guijuelo, Salamanca, España.

²Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León (ITACyL). Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular. Ctra. Burgos Km. 119, 47071 Valladolid, España.

*rubherbe@itacyl.es

Resumen

La microbiota del jamón curado desempeña un papel fundamental en el desarrollo de sus características organolépticas. Las comunidades microbianas, tanto bacterianas como fúngicas, contribuyen al desarrollo de su sabor y participan activamente en la generación del aroma mediante procesos de proteólisis y lipólisis. En el caso del jamón ibérico, la naturaleza artesanal de su procesado y su prolongado tiempo de curación favorecen el crecimiento de una población microbiana única. En este contexto, el presente trabajo tiene como objetivo abordar, por primera vez, la caracterización conjunta de la microbiota bacteriana y fúngica mediante técnicas de secuenciación de alto rendimiento, incluyendo además el análisis comparativo de las comunidades microbianas presentes tanto en la superficie como en el interior de jamones ibéricos de muy larga curación.

Para ello, se seleccionaron 15 jamones ibéricos deshuesados con 66 meses de curación. Para la obtención de las muestras externas, se muestrearon con hisopo cinco áreas de la superficie (5 × 5 cm), que posteriormente se integraron en una muestra compuesta. Las muestras internas se recogieron mediante muestreo transversal en la zona central utilizando un sacabocados estéril de 1 cm de diámetro. El ADN total se extrajo utilizando el kit DNeasy PowerSoil Pro (Qiagen) siguiendo las indicaciones del fabricante. La caracterización de la comunidad fúngica se realizó mediante la amplificación de la región ITS1, mientras que la microbiota bacteriana se analizó mediante la amplificación de la región variable V3–V4 del gen 16S rRNA. En ambos casos, los amplicones se emplearon para preparar librerías mediante DNA Prep (Illumina®), que se multiplexaron y secuenciaron en un equipo MiSeq (paired-end 300 pb). Las secuencias obtenidas se evaluaron, filtraron, corrigieron y ensamblaron para generar variantes de secuencia única (ASVs), que se clasificaron taxonómicamente y se emplearon para estimar la abundancia relativa y la diversidad microbiana. Los resultados mostraron que la microbiota bacteriana estuvo dominada por los filos *Firmicutes* y *Proteobacteria*, mientras que la microbiota fúngica por el filo *Ascomycota*, con diferencias en sus proporciones entre las muestras obtenidas del interior y exterior de las piezas. Además, los resultados obtenidos en la evaluación de la diversidad mostraron diferencias según las muestras procedieran del interior o exterior. De forma global, la aplicación de técnicas de secuenciación de alto rendimiento permitió obtener una visión más completa de la población microbiana del jamón ibérico curado que las caracterizaciones centradas en la identificación de los microorganismos cultivables.

Palabras clave: Jamón Ibérico curado, Microbiota fúngica y bacteriana, secuenciación masiva.

Financiación: Trabajo realizado en el proyecto INNOMADUR, financiado por fondos FEADER.



PS1-21

Characterization of Algerian lactic acid bacteria isolated from camel milk for the fermentation of plant-based beverages

Lobna Mahmoudi^{1,2*}, Kenza Zarour², Patricia Ruas-Madiedo¹

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IPLA-CSIC), Oviedo, Asturias, Spain; ²Laboratory of Applied Microbiology, Department of Biology, Faculty of Sciences, Oran 1 University, Algeria.

*mahlobna360@gmail.com

Summary

The transition toward using biofortification as an alternative to adding biochemical compounds to multifunctional beverages addresses the need to combat nutritional deficiencies, reduce costs, and meet consumer demand for clean labels. In this context, the use of lactic acid bacteria (LAB) predominates in fermentative biofortification, as they synthesize valuable micronutrients, such as riboflavin, while enhancing its safety. In this study, we focus on the characterization of six strains of LAB isolated from Algerian camel milk, with the aim of evaluating their biotechnological potential as cultures for the production of plant-based functional beverages.

The strains belong to species *Pediococcus pentosaceus* (strains CH4, CH10), *Leuconostoc mesenteroides* (CH5, CL21), *Weisella cibaria* (P7) and *Lactocaseibacillus rhamnosus* (P15). Inter-strain genetic diversity was confirmed between CH4 and CH10 and between CH5 and CL21 monitored by RAPD-PCR fingerprinting using GTG5 and M13 primers. The genome of the six strains was obtained, using the Illumina platform, and the presence of the riboflavin biosynthesis cluster (*ribGAEH*) was observed for the *P. pentosaceus* and *W. cibaria* strains. The production of riboflavin was checked in the riboflavin assay medium (RAM) confirming positive growth for the three strains. Besides the genomic analysis indicates that they were presumably safe for human consumption. Phenotypic characterisation of the strains was achieved by API 50CHL and APIzym assays. From the six strains only *L. rhamnosus* P15 was able to use lactose, being the only one able to grow and acidify milk. For the rest of strains, the inability to use lactose was confirmed by the absence of β -galactosidase activity. Instead, the strains showed capability to ferment other sugars, such as fructose and maltose, present in high abundance in plant sources, which might indicate a better performance in plant-based matrixes. Thus, the potential of the strains for the fermentation of oat, soy and almond beverages (at 30 °C for 24 h) was further explored. The final pH in oat drink was more pronounced than in soy and almonds beverages for all strains. The acidification slope indicates that *Leu. mesenteroides* CL21 was the faster acidifier for oat and almond beverages, whereas strain CH5 exhibited the rapidest acidification in soy beverage. In general, most species reached final counts higher than 8.5 Log units in all substrates.

These results support the suitability of these strains for the fermentation of plant-based beverages. Further studies will confirm riboflavin production as well as the sensory profile of the fermented plant-based products.

Palabras clave: LAB, fermentation, plant-based, genome, beverage

Financiación: Programa ICOOP del CSIC (COOPA24038) para estancias de formación predoctoral de L. Mahmoudi.



PÓSTERS SESIÓN 2





PS2-01

Adaptation to Thymol Impairs Motility and Biofilm Formation in *Pseudomonas psychrophila*

Natacha Caballero Gómez¹, Julia Manetsberger¹, Carlos Terriente-Palacios², José G. Vallarino², Nabil Benomar¹, Hikmate Abriouel^{1*}

¹Microbiology Area, Department of Health Sciences, Faculty of Health Sciences, University of Jaén, Jaén, Spain;

²Department of Molecular Biology and Biochemistry, Institute of Subtropical and Mediterranean Horticulture 'La Mayora', University of Malaga - Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), 29010-Málaga, Spain

*hikmate@ujaen.es

Summary

Introduction : Essential oil components, such as thymol, have shown great potential to control multi-resistant *Pseudomonas* spp. However, there is little information available regarding the effect of continuous exposure of the bacteria to natural compounds. Therefore, this study aimed to elucidate the effects of sublethal thymol concentrations on biofilms formation of a multi-resistant and very strong biofilm producer *Pseudomonas psychrophila* strain, using transcriptomic analysis.

Methods: The strain was cultured under both standard and induction conditions through six sequential transfers in fresh TSB broth (Ilin et al., 2017), with progressively increasing TH concentrations from 1/2 MIC up to 2500 µg/mL. To assess biofilm development, crystal violet staining experiments were conducted in conjunction with confocal microscopy observations. In addition, potential effects on virulence factors such as swarming motility and rhamnolipid production were evaluated. All assays were conducted using TH-adapted and non-adapted *P. psychrophila* M33T02.2 strains, evaluated both in the absence and in the presence of 1/2 MIC of TH.

Results: The TH-adapted strain exhibited a 50% reduction in swarming motility and a 30% decrease in rhamnolipid production compared to the non-adapted strain, even in the absence of TH, indicating a persistent effect of adaptation. Consistently, previous transcriptomic data (Caballero Gómez et al., under review) revealed under expression of flagella-related genes (*fliM*, *fliE_2*, *fliG_2*, and *flgB*) in the adapted strain. In contrast, short-term exposure to subinhibitory concentrations of TH exerted an additional effect on biofilm formation. While biofilms formed by the adapted strain were already less homogeneous, treatment with sub-MIC of TH further disrupted their structure, showing a stronger impact compared to the non-adapted strain. Overall, these results demonstrate that adaptation to TH induces stable impairments in motility and surface-associated functions, while subsequent exposure to subinhibitory TH concentrations enhances the antibiofilm effect. This dual impact highlights the potential of TH to both reprogram bacterial physiology and interfere with biofilm development.

Palabras clave: Biofilms, Virulence factors, Thymol adaptation, *Pseudomonas psychrophile*, Transcriptomics.

Financiación: This work was funded by Research Project Grants awarded by PID2022-138870OB-I00/AEI/10.13039/501100011033/FEDER (UE) and FEDER (project P20_00983, Modalidad Frontera, Convocatoria PAIDI 2020). This publication is part of the grant RYC2023-043075-I funded by MICIU/AEI/10.13039/501100011033 and by ESF+ (Natacha Caballero Gómez).



PS2-02

Contaminación esporádica, riesgo real: *Salmonella* en producción primaria bajo sistemas de invernadero

Ayala-San Nicolás, M*, Truchado, P, Illán, G, Allende, A, Hernández, N, Andújar, S, Tudela, JA, Gil, MI

Grupo de Investigación en Microbiología y Calidad de Frutas y Hortalizas. Departamento de Ciencia y Tecnología de los Alimentos. CEBAS-CSIC, E-30100, Murcia (España) *mayala@cebas.csic.es

Resumen

Los sistemas de agricultura en ambiente controlado (CEA) están transformando la producción de alimentos frescos y planteando nuevos retos para los modelos tradicionales de evaluación del riesgo microbiológico. En estos entornos altamente controlados, donde podría anticiparse la persistencia de patógenos una vez introducidos, la presencia de *Salmonella enterica* parece asociarse principalmente a episodios puntuales de contaminación, más que a dinámicas de persistencia sostenida.

En este estudio se evaluó la presencia, diversidad genómica y comportamiento ambiental de *S. enterica* en un sistema CEA representativo de la producción de hortalizas de hoja verde. Se analizaron un total de 178 muestras durante 1,5 años en tres campañas de monitorización ambiental, incluyendo superficies de contacto alimentario, sustrato, agua de riego, y producto antes y después de la cosecha. La prevalencia fue baja (2,8%) y se limitó a un único muestreo, con detecciones en la reserva de agua, la solución nutritiva y el producto previo a la cosecha.

El análisis mediante secuenciación del genoma completo identificó dos linajes genéticamente diferenciados: *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Mikawasima (ST1815), asociado con las matrices acuosas, y *S. enterica* subsp. *salamae* serovar 41:z10:1,2 (ST3614), encontrado en el producto vegetal. Ambos mostraron comportamientos fenotípicos comparables bajo condiciones relevantes de CEA. Ninguno de los aislados fue capaz de crecer en agua de riego y ambos presentaron una persistencia limitada, con disminución progresiva de las poblaciones. La inoculación en hojas baby de lechuga mostró que los patrones de inactivación eran similares entre linajes. La desinfección con cloro del agua de riego evidenció que concentraciones subóptimas no eliminan completamente el patógeno, mientras que niveles más elevados fueron necesarios para su inactivación.

En conjunto, los resultados indican que la presencia de *Salmonella* en un sistema protegido de invernadero responde a eventos de contaminación esporádicos e independientes, más que a procesos de colonización o persistencia prolongada. Este hallazgo sugiere que los modelos tradicionales basados en la adaptación del patógeno podrían no reflejar completamente estas dinámicas, y describe un escenario en el que el riesgo está impulsado por eventos transitorios, principalmente asociados a matrices hídricas. Estos resultados refuerzan la necesidad de estrategias de control centradas en la monitorización continua del agua y la detección temprana, así como en el uso de datos genómicos para mejorar la caracterización de los aislados y apoyar la vigilancia microbiológica en sistemas de producción en ambientes protegidos.

Palabras clave: agricultura en ambiente controlado, monitorización ambiental, *Salmonella enterica*, seguridad alimentaria

Financiación: Center for Produce Safety (CPS Award No. 2023CPS01), MCIN/AEI/10.13039/501100011033 (PID 2022-1417080B-I00), AGROALNEXT (fondos NextGenerationEU, PRTR-C17.I1); M. Ayala-San Nicolás agradece la beca FPI (PREP2022-000449).



PS2-03

Resistencia a antibióticos en brevibacterias aisladas del queso de Cabrales

Javier Rodríguez^{1,2*}, Eva Fernández^{1,2}, Pablo Moro¹, Ana Belén Flórez^{1,2} y Baltasar Mayo^{1,2}

¹Departamento de Microbiología y Bioquímica, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Francisco Pintado Fe 26, 33011-Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Avenida de Roma s/n, 33011-Oviedo, Asturias

*javier.rodriguez@ipla.csic.es

Resumen

Introducción: La presencia de bacterias portadoras de genes de resistencia a antibióticos en los alimentos constituye un motivo de preocupación, ya que la cadena alimentaria se considera una de las principales vías de diseminación de dichas resistencias. Estudios de culturómica y metagenómica recientes han detectado niveles elevados de brevibacterias en la superficie del queso de Cabrales, lo que sugiere que estos microorganismos pudieran tener un papel tecnológico relevante en el desarrollo de las características sensoriales del queso. En este sentido, cepas seleccionadas y bien caracterizadas podrían utilizarse como cultivos adjuntos o de maduración. No obstante, antes de su aplicación es indispensable garantizar que las cepas carecen de genes de resistencia transmisibles.

Objetivos: En esta comunicación se presentan los resultados fenotípicos y el análisis genómico de la resistencia antibióticos en un conjunto de brevibacterias aisladas del queso de Cabrales.

Material y Métodos: Un total de 30 aislados se sometieron a tipificación mediante RAPD. En las distintas cepas se ensayó la susceptibilidad/resistencia a 16 antibióticos mediante microdilución en medio líquido con el sistema comercial Sensititre™. Posteriormente, se seleccionó un subconjunto de cepas con diferentes perfiles de sensibilidad/resistencia para su secuenciación y análisis genómico.

Resultados: La tipificación reveló una elevada diversidad intraespecífica, identificándose 19 cepas entre los 30 aislados. Si bien se observó cierta variabilidad entre cepas, los valores de la concentración inhibitoria mínima (CIM) fueron bajos para todos los antibióticos ensayados. La única excepción fue la CIM a cloranfenicol en una de las cepas (64 µg/mL), lo que sugería un origen adquirido. Esta hipótesis se vio respaldada por la presencia en su genoma de un gen que codifica un transportador de eflujo de cloranfenicol (Cmx). El gen está precedido por una pequeña pauta de lectura abierta que codifica un péptido líder de resistencia a cloranfenicol y flanqueado por genes que codifican proteínas de movilización (transposasas/recombinasas). En alguna otra cepa se detectaron ortólogos de genes de resistencia conocidos, como *arr* (ADP-ribosiltransferasa de rifampicina dependiente de NAD⁺) y *vanZ* (proteína de membrana). La presencia de estos genes, sin embargo, no se correlacionó con los fenotipos observados, ya que las cepas mostraban alta susceptibilidad a rifampicina y vancomicina, respectivamente.

Conclusión: A pesar de la baja incidencia, resulta aconsejable llevar a cabo estudios fenotípicos y genéticos en aquellas cepas que se utilicen como cultivos adjuntos de maduración, con el fin de minimizar la dispersión de genes de resistencias a antibióticos a través de la cadena alimentaria.

Palabras clave: Resistencia a antibióticos, fermentos, cultivos adjuntos, brevibacterias, *Brevibacterium linens*

Financiación: Proyectos del PN (PID2022-141271NB-I00) y Principado (IDE/2024/00073650916)



PS2-04

Intervención con bacterias ácido-lácticas frente a enterobacterias resistentes a antibióticos en una simulación de desagüe de mataderos

**Fernández-Gómez, Paula^{1,2,3*}; Bodelón, Raquel^{1,2}; Bajo de la Viuda, María del Pilar¹;
Fernández-Trapote, Elena^{1,2}; Oliveira, Marcia^{1,2,3}; Cobo-Díaz, José F.^{1,2,3}; Prieto, Miguel^{1,2,3};
Alvarez-Ordóñez, Avelino^{1,2,3}**

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León; ³Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN).

*pafeg@unileon.es

Resumen

La creciente propagación de microorganismos resistentes a antibióticos se ha convertido en un importante desafío para la sociedad. Los mataderos e industrias de procesamiento de carne, y en particular sus desagües, pueden actuar como focos de acumulación y diseminación de bacterias resistentes a antibióticos (BRA) y genes de resistencia a antibióticos (GRA), favorecidos por la formación de biofilms. El objetivo de este estudio fue desarrollar un modelo a escala de laboratorio de un desagüe de matadero, y evaluar la efectividad de una intervención basada en bacterias ácido-lácticas (BAL) para reducir la presencia de BAR y GRA en los biofilms formados sobre superficies de acero inoxidable.

Para ello, se generaron biofilms sobre cupones de acero inoxidable a partir de una muestra tomada del desagüe general de un matadero y se colocaron en un sistema dinámico para simular dos semanas de actividad. Cada jornada experimental consistió en la circulación durante tres horas de un medio cárnico inoculado con la misma muestra, seguida de una limpieza y desinfección (L&D) no eficiente. Durante la primera semana se desarrolló una comunidad microbiana estable y en la segunda semana se incorporó una intervención mediante un cóctel de dos BAL, que se aplicó diariamente tras la L&D no eficiente. Se realizaron muestreos en los días 1, 5, 8 y 12, evaluando tanto los biofilms formados sobre los cupones de acero inoxidable como las poblaciones planctónicas en el medio circundante. La enumeración de enterobacterias y enterobacterias resistentes a antibióticos se llevó a cabo utilizando medio MacConkey agar, con y sin suplementación con cefotaxima, colistina e imipenem, respectivamente. Por otra parte, las BAL se cuantificaron en medio MRS agar únicamente en el día 12, tras cuatro días de intervención. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA y prueba *post hoc* de Tukey HSD ($p < 0,05$). Además, se realizaron extracciones de ADN para complementar estos resultados con análisis metagenómicos.

Los resultados evidenciaron una reducción significativa en los recuentos de enterobacterias, sensibles y resistentes a los antibióticos ensayados, en biofilms a lo largo de ambas semanas. No obstante, esta disminución fue mayor durante la segunda semana ($2,4 \pm 1,1$ unidades logarítmicas), cuando se aplicó la intervención con BAL, que durante la primera semana ($1,4 \pm 0,2$ unidades logarítmicas), cuando solo se aplicó la L&D no eficiente, lo que sugiere un efecto adicional de la intervención con BAL.

Palabras clave: Resistencias a antibióticos; biofilms; matadero; bacterias ácido-lácticas

Financiación: “Evaluación de fuentes y rutas de transmisión de resistencias a antimicrobianos en la industria cárnica y ambientes asociados (MetaResistBugs2)”. PID2020-118813GB-I00.



PS2-05

Mecanismos moleculares de la interacción antagónica entre *Pichia jadinii* y *Mucor plumbeus*: un estudio proteómico

Cabañas, C.M.^{1,2}, Delgado, J.³, Vega-Sagardía, M.², Vázquez, A.V.^{1,2}, Álvarez, M.^{1,2}, Cebadero, O.², Ruiz-Moyano, S.^{1,2*}

¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Nutrición y Bromatología, Escuela de Ingenierías Agrarias, Universidad de Extremadura, Avda. Adolfo Suárez s/n, 06007 Badajoz; ²Instituto Universitario de Investigación de Recursos Agrarios (INURA), Universidad de Extremadura, Avda. de la Investigación s/n, 06006 Badajoz; ³Higiene y Seguridad Alimentaria, Instituto Universitario de Investigación de la Carne y Productos Cárnicos, Facultad de Veterinaria, Universidad de Extremadura, Avenida de las Ciencias s/n, 10003 Cáceres; ⁴Sección Departamental de Nutrición y Ciencia de los Alimentos Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid; España.

*srmsh@unex.es

Resumen

La contaminación fúngica de los alimentos conlleva pérdidas económicas sustanciales, representando un desafío crítico para su estabilidad y seguridad. Los mohos del género *Mucor* destacan por su ubicuidad, rápido crecimiento y capacidad de colonización, siendo los principales alterantes en quesos tradicionales. Las restricciones regulatorias, el impacto ambiental y las resistencias a conservantes químicos impulsan la búsqueda de alternativas sostenibles, como el biocontrol mediante microorganismos antagonistas. Los mecanismos moleculares que subyacen a las interacciones entre mohos y levaduras, especialmente bajo diferentes condiciones nutricionales, son poco conocidos. Comprender las respuestas fúngicas frente a agentes de biocontrol es fundamental para el diseño y optimización de estrategias sostenibles eficaces. En este trabajo, se empleó un enfoque proteómico para investigar las adaptaciones metabólicas de *Mucor plumbeus* durante su interacción antagónica con *Pichia jadinii* PJ433 en diferentes sustratos.

El antagonismo fue estudiado en cinco medios de cultivo diferentes. Basándose en los resultados del cribado, se seleccionaron los medios 'Yeast Malt Culture' (YMC) y agar leche desnatada (SM) para el análisis proteómico comparativo. *M. plumbeus* se cultivó mediante interacción indirecta frente a *P. jadinii*, evaluando los cambios en el número de proteínas mediante espectrometría de masas. El enriquecimiento funcional se evaluó mediante herramientas de Ontología Génica (GO).

P. jadinii mostró actividad antifúngica frente a *M. plumbeus*, con índices de dominancia elevados (valor = 8) tanto en YMC y SM. Los análisis proteómicos identificaron un total de 990 proteínas, de las cuales 206 (20,8 %) se detectaron en ambos medios, 439 (44,3 %) en YMC y 138 (13,9 %) en SM. La respuesta metabólica de *M. plumbeus* frente a *P. jadinii* dependió del medio: YMC promovió el metabolismo de carbohidratos y las rutas biosintéticas, mientras que SM potenció la proteólisis, el metabolismo lipídico y las respuestas relacionadas con el estrés oxidativo. Las funciones metabólicas centrales se mantuvieron conservadas en ambos medios, lo que indica la presencia de mecanismos de supervivencia fundamentales. *M. plumbeus* demostró una marcada plasticidad metabólica, adaptando su proteoma según la disponibilidad de nutrientes y la presión antagónica. Los patrones de abundancia proteica diferencial revelaron estrategias de supervivencia distintas: crecimiento anabólico rápido en entornos ricos en carbohidratos frente a adaptación al estrés y respuestas defensivas en entornos ricos en proteínas y lípidos. Esta base molecular permitirá diseñar estudios de validación y escalado industrial para confirmar la eficacia en queso.

Palabras clave: moho, levadura, antagonismo, proteómica, adaptación metabólica.

Financiación: Cofinanciada al 85% por la Unión Europea, Fondo Europeo de Desarrollo Regional, y la Junta de Extremadura. Autoridad de Gestión. Ministerio de Hacienda (GR24164).



PS2-06

Prevalencia y caracterización molecular de *Vibrio parahaemolyticus* en las Rías Baixas en 2025

Rocha-Grandal, David^{1,2}; Costa-Ribeiro, Ana^{1,3}; Lamas, Alexandre⁴; Garrido-Maestu, Alejandro^{1*}

¹Grupo de Microbiología Ambiental y Alimentaria (microSAFE), Instituto de Investigaciones Marinas – CSIC;

²Departamento de Biología Funcional y Ciencias de la Salud, Universidade de Vigo; ³Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología, Universidad de Vigo; ⁴Laboratorio de Higiene, Inspección y Control de Alimentos, Universidade de Santiago de Compostela

*agarrido@iim.csic.es

Resumen

Vibrio parahaemolyticus es uno de los principales patógenos alimentarios asociado al consumo de productos pesqueros crudos o poco cocinados. El incremento de la temperatura del agua del mar, ligado al cambio climático, puede incrementar la prevalencia de este patógeno en productos de origen marino. En el presente estudio, se evaluó la presencia y prevalencia de este patógeno en las Rías Baixas de Galicia a lo largo del año 2025. Para ello, se obtuvieron 158 muestras de mejillón (*Mytillus galloprovincialis*) de proveedores locales, a razón de tres por semana. Adicionalmente, se tomaron 9 muestras de agua de mar, a razón de tres cada cuatro meses. Las muestras se analizaron de acuerdo con la norma ISO 21872 empleando los medios selectivos TCBS y CHROMagar™ *Vibrio*, para el aislamiento de presunto de *V. parahaemolyticus*. Adicionalmente, los enriquecimientos fueron analizados mediante qPCR multiplex dirigida a los genes *toxR*, *tdh* y *ure*, siendo el primero un marcador de especie y los dos últimos de patogenicidad. Por último, las colonias típicas obtenidas en los medios selectivos fueron purificadas y se realizó la secuenciación del genoma completo mediante nanoporos (MinION). Con los análisis de qPCR se obtuvieron un total de 99 muestras positivas para el gen *toxR*, entre las que se incluyen cepas patógenas, con resultados positivos para los genes *tdh* o *ure*. Se consiguieron aislados de 33 muestras, de los cuales 29 fueron confirmados como *V. parahaemolyticus* mediante secuenciación. Todos los aislados presentaron los genes de resistencia *bla*CARB, *tet*(34) y *tet*(35) y uno de ellos portaba también el gen de resistencia a quinolonas *qnrC*. Cabe destacar la estrecha relación filogenética de un aislado con el tipo ST1032 con una cepa clínica con el mismo tipo aislada en 2012 en Galicia y aislados de zooplancton de Galicia entre 2006-2007.

Palabras clave: *Vibrio parahaemolyticus*, qPCR multiplex, *Mytillus galloprovincialis*, MinION

Financiación: Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (iPAMUS, 389 PID2023-149825OA-I00) y Xunta de Galicia (ISCE, GAIN IN607A 2024/07)



PS2-07

Caracterización del resistoma en genomas de especies de *Staphylococcus* prevalentes en productos cárnicos

Prieto-Torre, R.J.^{1,2*}, Fernández-Cagigas, S.^{1,2}, Barcenilla, C.^{1,2}, Alvarez-Ordóñez, A.^{1,2}, Cobo-Díaz, J.F.^{1,2}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos e Instituto de Ciencia y Tecnología de los alimentos (ICTAL), Universidad de León, León, España; ²Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEON), León, España

*rpriet@unileon.es

Resumen

El resistoma, entendido como el conjunto de genes de resistencia a antibióticos (GRA), del microbioma alimentario, es de especial relevancia dado que las bacterias ingeridas en los alimentos pueden actuar como fuentes de GRA transferibles hacia la microbiota humana. Además, esta transferencia puede ocurrir mediante mecanismos de transferencia genética horizontal, tanto a bacterias intestinales como a patógenos oportunistas, aumentando el riesgo de diseminación de resistencias en la población. En este trabajo, se analizaron muestras de productos cárnicos fermentados y/o curados, como embutidos, panceta o lengua, con el objetivo de conocer qué especies del género *Staphylococcus* están presentes en este tipo de productos. Se aislaron 136 cepas de 19 muestras, que fueron identificadas mediante MALDI-TOF, incluyendo *S. equorum*, *S. capitis* o *S. carnosus*. De estas, se descargaron todos los genomas disponibles en la base de datos del NCBI, y mediante análisis bioinformático se identificaron los GRA y su localización cromosómica o plasmídica.

Se obtuvieron más de 3000 GRA (54 diferentes) de los 2259 genomas analizados. La mayor parte de los genes detectados se asociaron a resistencia frente a β -lactámicos, aminoglucósidos y macrólidos, algunos de los antibióticos más utilizados en la población. Los genes más abundantes fueron *msr(A)*, *blaZ* y *tet(K)*, mientras que *erm*, *poxA* y *mecA/mecC* fueron los más relevantes desde el punto de vista clínico. Asimismo, se observó que una proporción considerable de estos genes se localizaba en plásmidos, lo que sugiere un alto potencial de transferencia horizontal. A nivel taxonómico, *S. saprophyticus* se identificó como una de las especies con mayor riqueza de genes de resistencia, mientras que *S. capitis* destacó por presentar una elevada carga total de dichos genes.

Estos hallazgos ponen de manifiesto el papel determinante de distintas especies de *Staphylococcus* presentes en alimentos, distintas de *S. aureus*, como reservorios de resistencias a antimicrobianos. Dado su potencial impacto en la diseminación de resistencias hacia la microbiota humana, estos resultados muestran la importancia de monitorizar los resistomas en productos alimentarios. En particular, la integración de enfoques genómicos permite una caracterización más precisa de estos riesgos y contribuye al desarrollo de estrategias de control en el ámbito de la seguridad alimentaria.

Palabras clave: resistoma, *Staphylococcus*, genómica, microbiología alimentaria

Financiación: Este trabajo es parte del proyecto PID2024-159591OB-I00 financiado por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por FEDER, UE. Raúl J. Prieto es beneficiario de la ayuda predoctoral PREP2024-002801 financiada por MICIU/AEI /10.13039/501100011033 y por el FSE+.



PS2-08

Detección por PCR en tiempo real de *E. coli* productora de toxina Shiga (STEC) en el Laboratorio de Salud Pública de Murcia (LRSP)**Pérez Alfonso, C.O.^{1*}, Martínez Reina, G¹., Castaño Garrido, M. A¹., Sánchez Cánovas, A. M¹**¹Laboratorio Regional de Salud Pública de Murcia

*carmeno.perez@carm.es

Resumen

STEC es un patógeno emergente que presenta un riesgo significativo para la Salud Pública y que se transmite principalmente por el consumo de carne poco cocinada, lácteos y vegetales contaminados. Tras varias intoxicaciones alimentarias en festivales gastronómicos, en las que se detecta STEC en las hamburguesas servidas durante los eventos, se han incrementado las inspecciones preventivas realizadas por las Comunidades Autónomas con el fin de tomar las medidas necesarias.

Objetivo:

Evaluar la eficacia de un método molecular rápido basado en PCR en tiempo real para la detección de STEC en muestras de carne, lácteos y ovoproductos.

Materiales y Métodos:

Esta técnica se implantó en este Laboratorio en 2025, y desde entonces se siguen analizando muestras de alimentos para la determinación de STEC en carnes, lácteos y ovoproductos dentro del "Programa de Toma de Muestras de Riesgos Biológicos" que se realiza de forma rutinaria en este LRSP.

Se realizó un pre-enriquecimiento de las muestras en agua de peptona tamponada incubándose a 37°C durante 24h.

Para la extracción del ADN se utilizó el kit GENE UP® lisis siguiendo las instrucciones del fabricante.

Para la determinación de STEC se utilizó el kit GENE UP® STEC stx&eae siguiendo las instrucciones del fabricante.

La confirmación de las muestras positivas en PCR se realiza a partir de las colonias características aisladas en medios selectivos CHROM ID® Coli y CHROM ID® EHEC por aglutinación o por PCR

Resultados:

Hasta la fecha se han analizado 237 muestras, 202 muestras fueron de carne (hamburguesas, carpaccio, steak tartar...), 30 muestras de lácteos (quesos y leches en polvo) y 5 muestras de huevos, aunque están pendientes nuevas muestras para terminar el estudio.

Solo se han obtenido resultados positivos por PCR a los genes stx& eae en las muestras de carnes.

Conclusión:

La técnica de PCR en tiempo real es una herramienta eficiente y rápida para el cribado de STEC en alimentos de alto riesgo, permitiendo acciones correctivas tempranas.

Las muestras de hamburguesas y carpaccios de carnes son las más susceptibles de contaminación por STEC, y pueden provocar intoxicaciones, principalmente en eventos multitudinarios donde se dan malas condiciones de conservación de estos alimentos, con interrupción de la cadena del frío. Por ello sería recomendable evitar el consumo de hamburguesas y carnes crudas o poco cocinadas y cumplir las condiciones de elaboración, conservación y refrigeración de los alimentos.

Palabras clave: STEC, toxina shiga, PCR, LRSP**Financiación:** Scharlab S.L. y Equilabo Scientific-Deltalab Group



PS2-09

Acanthamoeba polyphaga*, nicho intracelular para *Salmonella* 4,[5],12:i:-*Candela Bolsa-Emperador¹, María Reyes-Batlle^{3,4,5}, Maider Aldalur¹, Nahia Ureña Esteban^{1,2}, Irati Martínez-Malaxetxebarria^{1,2*}, Ilargi Martínez-Ballesteros^{1,2}, Lorena Laorden Muñoz^{1,2}**¹Mikrolker, Dpto. de Inmunol., Microbiol. y Parasitol., Facultad de Farmacia EHU, Vitoria-Gasteiz, España.²Bioaraba, Microbiol., Enf. Infecciosas, Agentes Antimicrobianos y Terapia Génica, Vitoria-Gasteiz, España.³IUETSPC, Universidad de La Laguna, Tenerife, España.⁴Dpto. de Obstetricia y Ginecología et al., Universidad de La Laguna, Tenerife, España.⁵CIBERINFEC, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España.

*irati.martinez@ehu.eus

Resumen

Las amebas de vida libre (AVL) son protozoos ampliamente distribuidos en el medio ambiente, reconocidos como posibles reservorios y vectores de patógenos de origen alimentario. Entre ellas, *Acanthamoeba* spp. puede interactuar con bacterias favoreciendo su supervivencia intracelular y persistencia ambiental. Sin embargo, el papel de las AVL en la transmisión de *Salmonella* 4,[5],12:i:- sigue siendo poco conocido.

El objetivo de este estudio fue demostrar la capacidad de estas cepas de *Salmonella* monofásicas de Typhimurium (4,[5],12:i:-), de infectar, sobrevivir y persistir en el interior de *Acanthamoeba polyphaga*. Los ensayos de cocultivo se realizaron utilizando cepas del serotipo monofásico S. 4,[5],12:i:- y una cepa de S. Typhimurium como control positivo, inoculando una relación ameba:bacteria de 1:100 en medio PAS. Tras la infección, las bacterias extracelulares se eliminaron mediante tratamiento con gentamicina, y las bacterias intracelulares se recuperaron y cuantificaron en medio XLD tras la lisis de las amebas. mediante Triton X-100.

Los resultados del cocultivo mostraron ausencia de crecimiento bacteriano tras el tratamiento antibiótico. En cambio, tras la lisis de las amebas se obtuvieron recuentos elevados de *Salmonella* 4,5, 12:i:-, lo que indica una infección efectiva y la capacidad de supervivencia intracelular bacteriana. Estos resultados fueron coherentes con los obtenidos en los controles con S. Typhimurium, previamente reportadas como capaces de resistir en el interior de AVL.

Este estudio aporta la primera evidencia experimental de la capacidad de *Salmonella* 4,[5],12:i:- para infectar, sobrevivir y persistir en el interior de *A. polyphaga*. Estos hallazgos refuerzan la hipótesis de que las AVL pueden actuar como reservorios protectores y vehículos de diseminación de patógenos de origen alimentario en entornos ambientales y ganaderos. Dada la creciente relevancia epidemiológica de este serotipo de *Salmonella*, especialmente asociado al consumo de carne de cerdo, estos resultados ponen de manifiesto una posible vía de transmisión poco considerada y subrayan la necesidad de incluir las AVL en estrategias de control y vigilancia en seguridad alimentaria.

Palabras clave: *Acanthamoeba polyphaga*; *Salmonella* 4,[5],12:i:-; cocultivo; supervivencia intracelular; patógenos alimentarios.

Financiación: Este trabajo ha sido financiado por la UPV/EHU (GIU21/021) y por el Aula del Agua UPV/EHU-AMVISA.



PS2-10

Evaluación farmacocinética/farmacodinámica (PK/PD) de marbofloxacino para el control de *Staphylococcus aureus* en mastitis ovina y su implicación en la seguridad de la cadena alimentaria

Rodríguez-Gascón, A^{1,3}, Villca Huarachi, N¹, García Prada, C², Laorden Muñoz, L^{2,3}, Martínez-Ballesteros, I^{2,3}, Martínez-Malaxetxebarria, I^{2,3*}

¹Área de Farmacia y Tecnología Farmacéutica, Facultad de Farmacia, EHU; ²Grupo de Investigación Mikrolker; Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, EHU; ³Bioaraba; Microbiología, Enfermedades Infecciosas, Agentes Antimicrobianos, y Terapia Génica; Vitoria-Gasteiz, España.

*irati.martinez@ehu.eus

Resumen

Staphylococcus aureus es un agente etiológico clave en mastitis ovina, con relevancia tanto en sanidad animal como en la calidad microbiológica de la leche y sus derivados. Su presencia en la cadena alimentaria, junto con el uso de antimicrobianos en producción ganadera, constituye un desafío relevante desde la perspectiva *One Health* por su potencial contribución a la diseminación de resistencias antimicrobianas.

Marbofloxacino es una fluoroquinolona de amplio espectro empleada para el tratamiento de infecciones bacterianas en ganado bovino y porcino, y fuera de ficha técnica en caballos, ovejas y cabras. Este estudio estimó la probabilidad de éxito terapéutico de marbofloxacino frente a *S. aureus* en ovejas, a una dosis de 10 mg/Kg y día por vía endovenosa (IV) o intramuscular (IM), mediante análisis PK/PD y simulación de Montecarlo. Para ello, se utilizaron parámetros farmacocinéticos en plasma y leche ovina descritos en la literatura y la distribución de concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) de 78 aislamientos de *S. aureus* de origen lácteo ovino. Se calculó la probabilidad de alcanzar el objetivo PK/PD $fAUC/CMI > 55$ (PTA) y la fracción de respuesta acumulada (CFR), estimando así la probabilidad de éxito terapéutico para valores individuales y para distribuciones poblacionales de CMI (tratamiento empírico), respectivamente. En la tabla se recogen los valores más altos de CMI para los cuales la PTA fue $\geq 90\%$, el punto de corte clínico establecido por el CLSI, el rango de CMI observado en la población analizada y los valores CMI₅₀ y CMI₉₀, todos expresados en mg/L.

CMI con PTA $\geq 90\%$ ($fAUC/CMI > 55$)				Punto de corte CLSI	Rango CMI	CMI ₅₀	CMI ₉₀
IV plasma	IM plasma	IV leche	IM leche				
0.25	0.19	0.5	0.5	≤ 1	0.032-0.25	0.125	0.19

La distribución de las CMI evidencia la alta sensibilidad de *S. aureus* a marbofloxacino, relevante para su posible transmisión en la cadena alimentaria. La exposición al antibiótico en sangre indica que la administración IV e IM (10 mg/Kg) cubriría infecciones debidas a aislados de hasta 0.25 y 0.19 mg/L, respectivamente. Según la exposición en leche (importante para el tratamiento de mastitis), ese antibiótico cubriría hasta 0.5 mg/L. En tratamiento empírico, la probabilidad de éxito de marbofloxacino es $>98\%$, tanto por vía IV como IM.

Mediante análisis PK/PD se confirma la utilidad de marbofloxacino para el control de infecciones por *S. aureus* en producción ovina, y su integración en estrategias de seguridad alimentaria, contribuyendo a un uso racional de fluoroquinolonas y a la mitigación de la resistencia.

Palabras clave: *S. aureus*, leche ovina, control, PK/PD

Financiación: UPV/EHU (GIU21/021), Gobierno Vasco (IT1587-22)



PS2-11

Variabilidad en la susceptibilidad antimicrobiana de *Listeria monocytogenes* tras la exposición a cannabidiol a concentraciones subletales

Possas, A.^{1*}, Bonilla-Luque, O.M.¹, Alvarenga, V.², Pérez-Rodríguez, F.¹

¹Departamento de Bromatología y Tecnología de los Alimentos, UIC Zoonosis y Enfermedades Emergentes ENZOEM, ceiA3, Universidad de Córdoba, Campus Rabanales, 14014, Córdoba, Spain. ²Departamento de Alimentos, Facultad de Farmacia, Universidad Federal de Minas Gerais, Avenida Antônio Carlos, 6627, Campus Pampulha, Belo Horizonte, Brasil.

*g12mepoa@uco.es

Resumen

Listeria monocytogenes es un patógeno de transmisión alimentaria relevante, capaz de persistir en entornos de procesado y mostrar una elevada variabilidad en su susceptibilidad antimicrobiana. El cannabidiol (CBD) ha despertado recientemente interés como compuesto bioactivo con potencial actividad antimicrobiana en alimentos. Sin embargo, su impacto sobre la respuesta bacteriana frente a antibióticos convencionales sigue siendo poco conocido. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de la exposición a CBD a concentraciones subletales sobre los patrones de inhibición frente a antibióticos en cepas de *L. monocytogenes*. Se analizaron un total de 12 cepas de *L. monocytogenes* aisladas de dos industrias de elaboración de embutidos fermentados, incluyendo muestras de carne cruda, producto final y superficies ambientales. Las cepas fueron expuestas durante 20 h a 37 °C a concentraciones subletales de CBD, definidas a partir de la concentración mínima inhibitoria (CMI) previamente determinada in vitro, correspondientes a $\frac{1}{2}$ CMI y $\frac{1}{4}$ CMI. La susceptibilidad antimicrobiana se evaluó mediante el método de difusión en disco frente a un panel de ocho antibióticos, incluyendo compuestos de relevancia clínica (ampicilina, penicilina G, trimetoprim-sulfametoxazol), así como otros antibióticos empleados para la caracterización fenotípica. Los halos de inhibición se compararon con controles sin tratamiento (0 CMI) y se interpretaron de forma comparativa debido a la ausencia de puntos de corte clínicos estandarizados para *L. monocytogenes*. En condiciones control, los diámetros de los halos oscilaron entre 0 y aproximadamente 45 mm, evidenciando una elevada variabilidad basal. No se observó un agrupamiento claro de los patrones de susceptibilidad en función del origen de las cepas, lo que indica que la variabilidad fue principalmente dependiente de la cepa. En contraste, las diferencias entre antibióticos fueron más consistentes entre cepas, con algunos compuestos mostrando halos sistemáticamente mayores y otros respuestas más reducidas o variables. Tras la exposición a CBD, se observaron cambios en los halos de inhibición, con variaciones entre -5 mm y +6 mm respecto al control. Estos cambios dependieron tanto de la cepa como del antibiótico, observándose incrementos, reducciones o ausencia de cambios. En conjunto, la exposición a CBD a concentraciones subletales puede influir en la respuesta antimicrobiana de *L. monocytogenes*. La heterogeneidad observada pone de manifiesto la importancia de considerar la variabilidad a nivel de cepa y apoya el uso de compuestos naturales como estrategias complementarias para su control en sistemas alimentarios.

Palabras clave: resistencia a antibióticos, patógenos alimentarios, antimicrobianos naturales.

Financiación: Este trabajo fue financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU), en el marco del Plan Estatal de Investigación Científica, Técnica y de Innovación 2024–2027 (Proyectos de Generación de Conocimiento), bajo la referencia PID2024-162394OB-I00.



PS2-12

Resistencia a clindamicina en cepas de *Listeria monocytogenes* aisladas de industrias cárnicas. caracterización fenotípica y genotípica

Pérez-Baltar, A^{1*}, Hernández, B¹, López, P¹, Pérez-Boto, D¹, Arqués, JL¹, Martínez-Suárez, JV¹, Montiel, R¹

¹Departamento de Tecnología de Alimentos, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INIA-CSIC), Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid, España.

*aida.perez@inia.csic.es

Resumen

Listeria monocytogenes es una bacteria patógena, ampliamente distribuida en plantas de procesamiento de alimentos, causante de una toxiinfección denominada listeriosis. Es la enfermedad transmitida por alimentos con mayor tasa de hospitalización y mayor mortalidad en la Unión Europea. Uno de los principales desafíos de salud pública del siglo XXI es la aparición y propagación de bacterias resistentes a antibióticos. Aunque *L. monocytogenes* muestra una elevada susceptibilidad, resulta fundamental monitorizar su resistencia en entornos específicos, como la industria alimentaria. Así, el objetivo del trabajo fue caracterizar la resistencia a clindamicina de cepas del patógeno aisladas de industrias cárnicas.

Se evaluó la susceptibilidad de 62 cepas de *L. monocytogenes* mediante el método de difusión en disco estandarizado de EUCAST¹ frente al antibiótico clindamicina. Dichas cepas se catalogaron como sensibles o resistentes en función de sus halos de inhibición. Posteriormente, se determinó la concentración mínima inhibitoria (CMI) de 16 cepas, 14 susceptibles y 2 resistentes, mediante el método de dilución en agar². Asimismo, se investigó mediante PCR la presencia de tres genes de resistencia a clindamicina (*vgaG*, *InuB* y *InuG*), que fueron secuenciados y comparados con la cepa de referencia EGD-e para determinar diferencias entre cepas.

El 77,4% de las cepas mostraron halos de inhibición inferiores a 15 mm y se clasificaron como resistentes a clindamicina³. Estas cepas presentaron una CMI de 2 µg/mL, mientras que las sensibles, que pertenecieron a los complejos clonales (CC) 31 y 155, mostraron valores entre 0,25 y 0,50 µg/mL. Los genes *InuB* y *InuG* no fueron detectados en ninguna de las cepas, mientras que el gen *vgaG* se detectó en las 62 cepas estudiadas, identificándose 11 alelos diferentes. En las cepas susceptibles solo se identificaron dos de estos alelos. Un alelo no descrito, con la mutación Leu508Arg, presente en todas las CC155 sensibles, no se detectó en la cepa CC115 resistente, que mostró el alelo 13. El alelo 28, encontrado en las cepas CC31, presentó las mutaciones Lys152Thr y Asn458Thr, que fueron detectadas también en cepas resistentes.

La concordancia entre perfiles fenotípicos y genéticos de resistencia a clindamicina fue baja, lo que dificulta la predicción del fenotipo sensible o resistente mediante análisis genéticos y manifiesta la complicada regulación de esta resistencia en *L. monocytogenes*.

Palabras clave: *Listeria monocytogenes*, resistencia a antibióticos, clindamicina.

Financiación: PID2022-142329OB-C32 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades).

¹EUCAST (2025): https://www.eucast.org/ast_of_bacteria/disk_diffusion_methodology

²CLSI (2024): <https://clsi.org/shop/standards/m07/>

³Moura et al. (2024): <https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2023.100800>



PS2-13

El agua de riego como vector de resistencia antimicrobiana: evidencia de transferencia del resistoma del agua a los cultivos hortícolas

López-Cañizares, J.^{1*}, Truchado, P.¹, Martínez-Alonso, A.¹, Cobo-Díaz, J.F.^{2,3}, Álvarez-Ordóñez, A.^{2,3} & Allende, A.¹

¹Grupo de investigación en Microbiología y Calidad de Frutas y Hortalizas, CEBAS-CSIC, Murcia; ²Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos e Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, León; ³Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEON), León, Spain.

*jelopez@cebas.csic.es

Resumen

El uso de agua regenerada en riego agrícola se ha convertido en una práctica habitual en zonas afectadas por sequía estructural. La calidad microbiológica exigida al agua regenerada para su uso en agricultura está establecida en la legislación europea y se garantiza mediante el correcto funcionamiento de las estaciones depuradoras. Además de microorganismos, las aguas regeneradas pueden contener genes de resistencia a antimicrobianos (GRAs), lo que plantea riesgos de transferencia a los cultivos agrícolas y, en consecuencia, a la cadena alimentaria. Este estudio analiza la transferencia del resistoma (conjunto de GRAs) presente en el agua regenerada a cultivos hortícolas (lechuga romana baby) cultivados en invernadero. El diseño experimental incluyó riego con tres tipos de agua: 1) agua regenerada cumplidora de la legislación vigente (Regenerada); 2) agua procedente del tratamiento secundario, simulando un fallo en el tratamiento terciario de desinfección (Secundario); y 3) agua de red como control (CT). Se realizaron dos campañas de muestreo: inicio del ciclo de cultivo (día 0) y momento de la recolección (día 20). Las muestras de agua se analizaron mediante filtración (0,2 µm), mientras que las muestras vegetales fueron procesadas mediante concentración previa para la extracción de ADN. La secuenciación se realizó en la plataforma Illumina NovaSeq X, generando lecturas pareadas de 150 pb. El análisis bioinformático incluyó control de calidad y filtrado de lecturas (*FastQC*, *FastP*), ensamblado de contigs, identificación de GRAs (*ResFinder*) y taxonomía (*Kraken2*). La abundancia absoluta de GRAs fue mayor en las muestras de agua del secundario, así como en las plantas regadas con este tipo de agua en el día 20. Por el contrario, el riego con agua regenerada y agua de red mostró valores significativamente más bajos en todas las matrices analizadas. El diagrama de Sankey mostró que los GRAs más relevantes fueron *bla*_{OXA-10}, *bla*_{TEM-181}, *sul1*, *aph*(6) y *tet*(39). Genes como *sul2*, *qnrS2* y *aadA10* se detectaron en agua y material vegetal, pero no en las plantas a día 0. En conjunto, estos resultados sugieren una transferencia de GRAs desde el agua de riego al cultivo. A nivel taxonómico, géneros como *Bradyrhizobium*, *Tolomonas*, *Pseudomonas* o *Streptomyces* se observaron en el agua de riego mientras que en material vegetal *Pseudomonas* fue el género predominante, seguido de *Methylobacterium*, *Sphingomonas* y *Paracoccus*. Estos hallazgos indican que la calidad del agua de riego influye en la abundancia de GRAs, siendo muy relevante el tratamiento de desinfección (regenerada) para reducir la presencia de GRAs.

Palabras clave: resistoma, agricultura, riego, transferencia.

Financiación: Agencia Estatal de Investigación (MCIN, TED2021-131427B-C21 y TED2021-131427B-C22) del Plan de Recuperación, Transformación y Resiliencia de la Unión Europea, el programa AGROALNEXT (MCIN y fondos de NextGenerationEU, PRTR-C17.I1) y Fundación Séneca.



PS2-14

Capacidad detoxificante de la ocratoxinas purificada de *Brevibacterium linens* y evaluación de su toxicidad en células epiteliales humanas

Silván, JM^{1*}, Sánchez-Arroyo, A², Plaza-Vinuesa, L², de las Rivas, B², Muñoz, R²,

Martínez-Rodríguez, AJ¹

¹Grupo de Microbiología y Biocatálisis de Alimentos (MICROBIO), Departamento de Biotecnología y Microbiología, Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación (CIAL, CSIC-UAM), Madrid

²Grupo de Biotecnología Bacteriana (BIOBACT), Departamento de Procesos Tecnológicos y Biotecnología, Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos y Nutrición (ICTAN, CSIC), Madrid

*jm.silvan@csic.es

Resumen

La Ocratoxina A (OTA) es una micotoxina frecuentemente encontrada en cultivos de cereales y alimentos derivados que supone un grave riesgo para la salud debido, principalmente, a sus efectos nefrotóxicos y hepatotóxicos. Por este motivo, es de gran importancia desarrollar nuevos métodos de biocontrol que sustituyan a los procedimientos tradicionales y poco efectivos de descontaminación actuales. En este estudio, se evaluó la capacidad detoxificante de la enzima ocratoxinas purificada de *Brevibacterium linens* (BIOTAsa). Tras la extracción y purificación de la enzima, se llevó a cabo la reacción de degradación de la OTA y se estudió su efecto citotóxico y de los productos de degradación obtenidos sobre diferentes líneas celulares humanas: renal (HEK-293), hepática (HepG2), gástrica (AGS) e intestinal (Caco2). Los resultados obtenidos mostraron el efecto citotóxico de la OTA a concentraciones de entre 250 ng/ml y 2000 ng/ml para las líneas HEK-293, AGS y HepG2 tras 24 horas de exposición. Tras 48 horas de exposición las mismas concentraciones de toxina potenciaron su efecto sobre la toxicidad celular. La línea celular intestinal Caco2 solo presentó descenso de viabilidad a concentraciones de 2000 ng/ml de OTA tras 48 horas de exposición. El producto obtenido de la reacción de degradación (OTA α) no presentó efecto tóxico sobre la viabilidad celular en ninguna de las líneas celulares ensayadas. En conjunto, se puede concluir que la degradación de la OTA por la BIOTAsa podría reducir la citotoxicidad de la OTA y, por tanto, este procedimiento podría utilizarse como una alternativa para el biocontrol de alimentos contaminados por esta micotoxina.

Palabras clave: Ocratoxina A, *Brevibacterium linens*, Ocratoxinas, Detoxificación, Citotoxicidad

Financiación: Esta investigación ha sido financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación (MCIN) en el marco del proyecto "OTADETOX" (Conversión de ocratoxina A mediante enzimas bacterianas: una estrategia para reducir micotoxinas en vinos y alimentos derivados de uva ante el cambio climático), subvención PID-2021-123291OB-I00, financiado por el MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER "Una manera de hacer Europa".



PS2-15

INCIDENCIA DE ÁCIDO CICLOPIAZÓNICO Y OCRATOXINA A EN CECINA**Ribeiro, DCSZ¹, Aufartova, JB³, Gutiérrez-Gaete, C^{1*}, Rodríguez-Calleja, JM^{1,2}, López-Díaz, TM^{1,2}**

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos de la Universidad de León (ICTAL); ³Laboratorio de Técnicas Instrumentales (LTI), Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, 24071 León, España.

*cgutig02@estudiantes.unileon.es

Resumen

La cecina presenta una micobiota diversa en su superficie, similar a la observada en otros productos cárnicos curados, según estudios previos de los autores. *Penicillium* es el género predominante, incluyendo especies micotoxigénicas como *P. commune*, productor de ácido ciclopiazónico (CPA) y, en menor medida, *P. nordicum* y *P. verrucosum*, productores de ocratoxina A (OTA). Según la EFSA, los productos cárnicos-curados pueden contribuir de manera significativa a la exposición crónica a OTA. En este contexto, el objetivo de este estudio fue cuantificar CPA y OTA en 25 muestras de cecina obtenidas durante los años 2024 y 2026, y evaluar los principales desafíos analíticos asociados a los métodos de extracción y a la optimización de las condiciones cromatográficas. Las diferencias observadas en los niveles de micotoxinas entre productos de distintos países pueden atribuirse a variaciones en los métodos analíticos utilizados, además de los factores previamente mencionados. El límite de cuantificación (LOQ) para ambas micotoxinas fue de 10 ppb. Las tasas de recuperación oscilaron entre 70% y 110% para CPA, y entre 68% y 74% para OTA. El método seleccionado, utilizando ACN:H₂O:ácido acético (79:20:1) como disolvente de extracción, junto con las modificaciones implementadas, permitió la identificación de CPA en 5 muestras (20%), con concentraciones comprendidas entre 29,7 y 826,7 ng/g. La OTA fue identificada en 4 muestras (16%), con concentraciones entre 38,8 y 82,9 ng/g. La co-ocurrencia de CPA y OTA se observó en 2 muestras. Cabe destacar que la muestra con la mayor concentración de CPA presentó el nivel más bajo de OTA. Aunque la frecuencia de muestras positivas es similar a la indicada en otros estudios sobre productos cárnicos curados, las concentraciones de CPA detectadas en este estudio son superiores a las previamente descritas (*P. commune* fue la especie dominante). Por su parte, los niveles de OTA se sitúan dentro del rango detectado por otros autores en productos cárnicos similares, aunque *per se* podrían ser potencialmente preocupantes. Así pues, se muestra por primera vez la presencia de CPA y OTA en cecina. Además, los hallazgos enfatizan la importancia de optimizar los métodos analíticos para la cuantificación precisa de micotoxinas, contribuyendo a una mejor evaluación del riesgo asociado en productos cárnicos curados como la cecina.

Palabras clave: micotoxinas, cecina, ácido ciclopiazónico, ocratoxina A, *Penicillium*

Financiación: programa propio de investigación de la Universidad de León (2025)



PS2-16

Susceptibilidad a antimicrobianos y formación de biofilms en cepas de *Listeria monocytogenes* procedentes de la industria cárnica

Montiel, R^{1*}, López, P¹, Pérez-Boto, D¹, Arqués, JL¹, Martínez-Suárez, JV¹, Pérez-Baltar, A¹

¹Departamento de Tecnología de Alimentos, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (INIA-CSIC), Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid, España.

*rakelm@inia.csic.es

Resumen

Listeria monocytogenes es responsable de la toxiinfección denominada listeriosis. En los últimos años, se ha convertido en la zoonosis más grave en la Unión Europea, al presentar el mayor porcentaje de hospitalizaciones (> 95%) y la tasa de letalidad más alta (15-30%)¹. Esta bacteria puede acceder a las plantas de procesamiento y colonizar tanto el ambiente como los equipos, persistiendo durante períodos prolongados en las instalaciones debido a su capacidad para resistir a los desinfectantes y formar biofilms en una amplia variedad de superficies. La exposición del patógeno a concentraciones subinhibitorias de desinfectantes puede inducir cambios que alteran su virulencia, su tolerancia a antimicrobianos, y su capacidad de formar biofilms, dando lugar a cepas más resistentes y/o persistentes. Por ello, es fundamental controlar la resistencia de esta bacteria en entornos específicos, como la industria alimentaria.

En este trabajo, se evaluó la susceptibilidad de 21 cepas de *L. monocytogenes* aisladas de industrias cárnicas frente a un desinfectante de uso habitual en industrias alimentarias, el cloruro de benzalconio (BAC), determinando su concentración mínima inhibitoria (CMI) mediante el método de dilución en agar². Asimismo, se estudió la capacidad de estas cepas para formar biofilms en placas multipocillo³ durante 4 y 7 días a 22 y 8 °C, respectivamente, y su susceptibilidad frente a 11 antibióticos utilizando el método de difusión en disco estandarizado de EUCAST⁴.

De las 21 cepas evaluadas, 8 se mostraron susceptibles al BAC, con una CMI de 2,5 µg/mL, mientras que 13 resultaron resistentes, con CMI ≥ 10 µg/mL. En la mayoría de cepas resistentes se identificó el transposón Tn6188, que alberga el gen *qacH*, implicado en la tolerancia a compuestos de amonio cuaternario. A 22 °C, 16 de las cepas produjeron biofilms, siendo A004, A006 y C001 las que mostraron una mayor formación. A 8 °C, únicamente las cepas A006 y C001 fueron capaces de producir biofilms, ambas pertenecientes al secuenciotipo 121, genotipo con una alta prevalencia en la industria alimentaria. Finalmente, todas las cepas resultaron sensibles a los 11 antibióticos evaluados.

Esta población de cepas de *L. monocytogenes* mostró una alta resistencia al BAC y una gran capacidad para formar biofilms, lo que contribuye a su persistencia en el ambiente de procesamiento de alimentos. No obstante, se observa una muy alta susceptibilidad a los antibióticos estudiados, por lo que el tratamiento de referencia frente a este patógeno no se vería comprometido.

Palabras clave: *Listeria monocytogenes*, antibióticos, desinfectantes, biofilms.

Financiación: PID2022-142329OB-C32 (Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades).

¹EFSA-ECDC (2025): <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2025.9759>

²CLSI (2024): <https://clsi.org/shop/standards/m07/>

³Pan et al. (2010): <https://doi.org/10.1128/AEM.02185-09>

⁴EUCAST (2025): https://www.eucast.org/ast_of_bacteria/disk_diffusion_methodology



PS2-17

Desafíos Operativos y Soluciones Sostenibles en el Cultivo de Algas para Consumo Humano

I. Quevedo-Romero^{1*}, Jorge Baixauli¹, Paula M. Periago¹, A. Palop¹, E. García-Gutiérrez¹

¹Departamento de Ingeniería Agronómica. Universidad Politécnica de Cartagena. Pº Alfonso XIII, 48, 30203, Cartagena, Murcia, España.

*Ignaciojuan.quevedo@upct.es

Resumen

La alimentación constituye un derecho humano fundamental reconocido por organismos internacionales como la Organización de las Naciones Unidas (ONU) y la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO). Sin embargo, más de 730 millones de personas —aproximadamente el 9,1% de la población mundial— continúan padeciendo hambre. En este contexto y con el objetivo adicional de reducir el impacto ambiental de los sistemas productivos, se promueve la búsqueda de alimentos alternativos, como insectos comestibles, carne cultivada y, especialmente, algas.

El sector de las algas ha experimentado un notable crecimiento en los últimos años, alcanzando un valor superior a los 18 mil millones de euros anuales, con previsiones que sitúan este mercado en torno a los 33 mil millones para 2028. No obstante, su producción se concentra mayoritariamente en Asia (97%), mientras que Europa representa apenas el 1% del total. Ante esta situación, la Comisión Europea lanzó en 2022 la Iniciativa de Algas de la UE, orientada a impulsar el desarrollo sostenible de esta industria y a fomentar su integración en el sistema alimentario europeo.

El incremento en el consumo de algas plantea importantes retos en materia de seguridad alimentaria. Entre ellos, destaca la necesidad de prevenir contaminaciones microbiológicas durante el cultivo, procesado y envasado de las mismas. En este sentido, la formación de biofilms bacterianos constituye un problema crítico. Los biofilms son comunidades microbianas estructuradas, adheridas a superficies y protegidas por una matriz extracelular que les confiere una elevada resistencia frente a los métodos convencionales de limpieza y desinfección, convirtiéndolos en una fuente de contaminación persistente.

El objetivo principal de este proyecto es caracterizar los biofilms asociados a la industria de las algas, identificando las especies presentes y analizando sus interacciones ecológicas. Para ello, se emplean técnicas de metagenómica y secuenciación masiva, que permiten obtener un perfil detallado de la composición microbiana, así como evaluar la abundancia relativa, el potencial patogénico y el papel funcional de los distintos microorganismos.

Adicionalmente, el proyecto aborda el desarrollo de estrategias innovadoras para la inactivación de biofilms. Se han aislado bacterias procedentes de muestras industriales y se están desarrollando modelos experimentales de biofilm en condiciones estáticas y dinámicas, con el fin de evaluar la eficacia de diferentes tratamientos antimicrobianos. Entre ellos, destacan las nanoemulsiones de aceites esenciales de origen vegetal, como orégano, romero o limón, que han demostrado efectividad frente a diversos patógenos.

En conjunto, este proyecto contribuye a mejorar la seguridad microbiológica en la industria de las algas y a favorecer su consolidación como una alternativa alimentaria sostenible, alineada con los desafíos globales de seguridad alimentaria y sostenibilidad ambiental.

Palabras clave: Biofilms; Aceite esencial; Seguridad alimentaria; Metagenómica; Antimicrobianos



PS2-18

De los purines a los cultivos: investigación de la transmisión de genes de resistencia a antibióticos en sistemas de producción vegetal

Martínez de Zuazo, María Mei¹, Serrano, María Jesús¹, Merino, Natalia¹, García-Gonzalo, Diego¹, Pagán, Rafael^{1*}, Espina, Laura^{1,2}

¹Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza, Calle Miguel Servet 177, 50013, Zaragoza;

²Fundación ARAID, Avenida Ranillas 1-D, 50018, Zaragoza

*pagan@unizar.es

Resumen

La aplicación de purines en suelos agrícolas es una práctica habitual que puede favorecer la diseminación de genes de resistencia a antibióticos (ARGs) en el ambiente. En particular, la acumulación de ARGs en suelos cultivados plantea el riesgo de su transferencia a la microbiota asociada a productos vegetales destinados al consumo.

Se partió de datos metagenómicos de cinco lotes de purines, suelos agrícolas pre-fertilizados y post-fertilizados, así como del rizoplaneo de los productos vegetales cultivados. A partir de estos datos, en los que previamente se había caracterizado la composición taxonómica y la abundancia de ARGs, se evaluaron las asociaciones entre géneros bacterianos y genes de resistencia, con el objetivo de inferir posibles mecanismos de transferencia durante la fertilización y la colonización del material vegetal.

El análisis comparativo mostró que los purines presentan patrones estructurados de correlación positiva entre géneros bacterianos y ARGs, que indican asociaciones estrechas entre microbiota y resistoma. Se observaron asociaciones entre géneros comúnmente ligados a hospedadores, como *Escherichia/Shigella*, *Enterococcus* y *Klebsiella*, y ARGs relacionados con resistencia a β -lactámicos, tetraciclinas y glicopéptidos. Por el contrario, géneros ambientales como *Pseudomonas*, *Flavobacterium*, *Acinetobacter* o *Arthrobacter* mostraron correlaciones mayoritariamente negativas con los ARGs. En las muestras de suelos post-fertilización y rizoplaneo, los patrones de correlación fueron más difusos. Globalmente, se identificaron dos patrones principales: (i) ARGs fuertemente asociados a géneros introducidos con los purines, como *Limosilactobacillus* y *Clostridium*, lo que indica transferencia taxonómica directa; y (ii) ARGs que aumentaron sin asociación positiva con géneros concretos, incluyendo genes como *optrA*, *tet(Q)* y determinantes de resistencia a aminoglucósidos, lo que sugiere mecanismos compatibles con transferencia horizontal de genes.

Los resultados indican que tanto la caracterización del resistoma edáfico como la comprensión de la asociación entre bacterias de origen fecal y la presencia de ARGs constituyen elementos clave e infraestudiados para la evaluación de la seguridad alimentaria. Además, estas asociaciones permiten una mejor valoración del riesgo derivado de prácticas agrícolas comunes, como la fertilización con purines.

Palabras clave: Resistencia a antibióticos, Purines, Fertilización, Transferencia



PS2-19

Las hierbas aromáticas frescas como reservorios de resistencia antimicrobiana: un análisis metagenómico

Pontes, Edson Douglas Silva^{1,2}, Pagán, Rafael¹, Magnani, Marciane², Berdejo, Daniel^{1*}, Espina, Laura^{1,3}

¹Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza, España; ²Universidad Federal da Paraíba, Brasil; ³Fundación ARAID, Zaragoza, España

*berdejo@unizar.es

Resumen

El potencial de las hierbas aromáticas frescas como reservorios de resistencia antimicrobiana generalmente se subestima, pese a su ingesta en crudo y a estar implicadas ocasionalmente en brotes alimentarios. En este estudio se aplicó un enfoque integrado de metagenómica *shotgun* para caracterizar la composición taxonómica, el resistoma y la asociación entre genes de resistencia a antibióticos (ARGs) y sus taxones hospedadores en muestras comerciales de cebollino, cilantro, perejil y hierbabuena. Adicionalmente, se reconstruyeron genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs), lo que permitió asignar ARGs a determinadas bacterias con gran resolución.

El análisis taxonómico reveló comunidades dominadas por bacterias ambientales típicas de microbiomas vegetales, con una composición global relativamente consistente entre los distintos tipos de hierbas. Predominaron géneros como *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Methylobacterium* y *Agrobacterium*. No obstante, también se detectaron de forma recurrente géneros de interés sanitario, incluyendo *Stenotrophomonas*, *Acinetobacter*, *Enterobacter* y *Shewanella*, lo que pone de manifiesto la coexistencia de bacterias ambientales y potencialmente oportunistas.

El análisis del resistoma mostró un perfil altamente conservado, dominado por mecanismos de resistencia intrínseca característicos de bacterias ambientales, especialmente sistemas de eflujo multidroga y genes implicados en la modificación de la membrana celular. La reconstrucción de MAGs permitió identificar múltiples genomas afiliados a *Pseudomonas*, confirmando su papel como componente dominante tanto del microbioma como del resistoma asociado. Asimismo, se detectaron MAGs pertenecientes a *Shewanella* y *Pantoea* portadores de ARGs clínicamente relevantes, entre los que destacaron β -lactamasas, así como genes de resistencia a aminoglucósidos y tetraciclinas. No obstante, aunque estos genes se asignaron a MAGs específicos, su abundancia en el resistoma global fue baja. Finalmente, la coocurrencia entre ARGs y géneros bacterianos evidenció que miembros de la familia *Enterobacteriaceae* albergan genes de resistencia con potencial movilidad, lo que apunta a un posible riesgo de transferencia horizontal además de su carácter como patógenos oportunistas.

En conjunto, los resultados indican que las hierbas aromáticas frescas contienen un resistoma ambiental dominado por mecanismos intrínsecos, junto con reservorios puntuales de resistencia clínicamente relevante. Estos hallazgos sugieren que estos productos podrían actuar como posibles fuentes de genes de resistencia para el consumidor, así como contribuir a la persistencia y diseminación de ARGs en alimentos en los que se emplean como ingredientes.

Palabras clave: resistoma, metagenómica, hierbas, enterobacterias



PS2-20

Efecto protector de *Pseudomonas fluorescens* sobre la persistencia de *Listeria monocytogenes* en biopelículas multiespecie frente a protocolos de limpieza y desinfección

Merino, Natalia^{1*}, Balaguer, Livia¹, Berdejo, Daniel¹, García-Gonzalo, Diego¹, Pagán, Rafael¹

¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2 (Universidad de Zaragoza-CITA), Zaragoza, España

*merino@unizar.es

Resumen

Las biopelículas son comunidades microbianas complejas, estructuradas y rodeadas por una matriz extracelular autoproducida que les confiere una mayor resistencia frente a la limpieza y desinfección (L&D), dificultando su eliminación y convirtiéndolas en una fuente persistente de contaminación en la industria alimentaria. Aunque las bacterias son capaces de formar biopelículas mono-especie, en los ambientes de procesamiento de alimentos predominan las biopelículas multiespecie, generalmente más resistentes a la L&D. *Pseudomonas fluorescens* es una bacteria alterante comúnmente presente en las superficies de industrias alimentarias y con una alta capacidad para formar biopelículas robustas. Dentro de las biopelículas multiespecie, *P. fluorescens* puede desempeñar un papel estructural clave como soporte para patógenos como *Listeria monocytogenes*. Así, el objetivo del estudio fue evaluar la eficacia de distintos protocolos de L&D frente a biopelículas mono y multiespecie formadas por aislados de *P. fluorescens* y *L. monocytogenes* de una industria cárnica.

Se caracterizó la formación de las biopelículas en placas de acero inoxidable de 24 pocillos bajo condiciones estáticas (25 °C, 24-96 h) mediante el recuento de células sésiles y la cuantificación de la biomasa. A continuación, se aplicaron diferentes productos comerciales de L&D, incluyendo un detergente alcalino, un desinfectante a base de ácido peracético y peróxido de hidrógeno, y un detergente-desinfectante 2 en 1 a base de hipoclorito sódico. La eficacia de los mismos se evaluó mediante la comparación de recuentos de células sésiles viables antes y después del tratamiento.

La caracterización de las biopelículas mostró que no existían diferencias significativas en el recuento de células sésiles de *P. fluorescens* entre biopelículas mono y multiespecie. Sin embargo, el recuento de *L. monocytogenes* fue significativamente mayor en las biopelículas multiespecie. En relación con los productos de L&D, la aplicación individual del detergente o desinfectante no logró la erradicación de las biopelículas, salvo en el caso de las biopelículas mono-especie de *L. monocytogenes*. Por el contrario, la aplicación del detergente-desinfectante 2 en 1 permitió una reducción significativamente mayor, y la aplicación secuencial del detergente seguida del desinfectante logró la erradicación completa de todas las biopelículas. Aunque no se observaron diferencias en la eficacia de los productos de L&D frente a *P. fluorescens* entre biopelículas mono y multiespecie, sí se observaron diferencias en *L. monocytogenes*, siendo significativamente menos efectivos frente a *L. monocytogenes* en biopelículas multiespecie.

En conclusión, la biopelícula multiespecie de *P. fluorescens* y *L. monocytogenes* incrementa la resistencia y persistencia de *L. monocytogenes*, lo que exige la aplicación de una fase de detergencia seguida de una fase de desinfección para lograr la erradicación completa de biopelículas.

Palabras clave: biopelículas multiespecie; *Pseudomonas fluorescens*, *Listeria monocytogenes*, limpieza y desinfección



PS2-21

Estudio integral de *Salmonella* spp.: resistencia antimicrobiana, capacidad de formación de biofilms y potencial de infección en *Caenorhabditis elegans*

Panera-Martínez, Sarah^{1,2,3*}, Alonso-Calleja, Carlos^{1,2,3}, Capita, Rosa^{1,2,3}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, 24071-León, España; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León, Calle La Serna, nº58, 24007-León, España; ³Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN), grupo de investigación BIOMICRA. Hospital de León, Altos de Nava s/n, 24071, León, España.

*spanm@unileon.es

Resumen

Se determinó la resistencia a 42 antibióticos (difusión por disco) de 20 cepas de *Salmonella* spp. procedentes de carne de ave y pertenecientes a los serogrupos B, C y E. Los aislamientos se adquirieron en la provincia de León e incluyeron ocho cepas del serogrupo E, siete del C y cinco del B. Se observaron distintos patrones de resistencia en función del serogrupo considerado. Todas las cepas fueron multirresistentes (a entre 3 y 16 antibióticos), mostrando el 100 % de ellas resistencia a rifampicina, teicoplanina y eritromicina, susceptibilidad reducida a temocilina y susceptibilidad a ampicilina/sulbactam, cefoxitina, fosfomicina, azitromicina, sulfametoxazol/trimetoprim y trimetoprim. Cabe destacar que el serogrupo C presentó mayor variabilidad fenotípica. Los genes de resistencia más prevalentes fueron los asociados a los antibióticos betalactámicos (destacando *AmpCFOX*, *penA* y *bla_{CTX-M}*) y aminoglucósidos (siendo *aac3-IV*, *aac3-II*, *strA*, *strB* y *aadA* los más abundantes). Por su parte, el serogrupo B destacó al mostrar la mayor prevalencia de genes asociados a resistencias a sulfonamidas y tetraciclinas. Se determinó (tinción con cristal violeta) la capacidad de formación de biofilms de las 20 cepas sobre superficies inertes de poliestireno. El 80,0 % de las cepas (16) fueron capaces de formar biofilms bajo las condiciones ensayadas, clasificándose 15 de ellas como formadoras débiles y una como formadora moderada. El serogrupo B fue el que mayor diversidad presentó, englobando al menos una cepa clasificada en cada categoría (no formadora, formadora débil o formadora moderada de biofilm). Finalmente, se utilizó un modelo in vivo basado en la supervivencia del nematodo *Caenorhabditis elegans* al ser expuesto a las cepas de *Salmonella* spp. Gracias a ello, se pudo determinar que todas las cepas, independientemente del serogrupo al que pertenecían, fueron capaces de infectar al nematodo, reduciendo considerablemente su esperanza de vida. Esta infección provocó que los nematodos se volvieran letárgicos y frágiles, reduciendo drásticamente su supervivencia media desde 10,48 días (observados en el control con *Escherichia coli*) hasta 5,3 días, y alcanzando una mortalidad del 100 % en un máximo de 14 días. Los resultados obtenidos sugieren que todas las cepas de *Salmonella* ensayadas tienen la potencialidad para causar enfermedad humana, a la vez que presentan una elevada prevalencia de resistencia a antibióticos, hechos de especial relevancia para la Salud Pública.

Palabras clave: MDR, biopelículas, virulencia, serogrupos, Salud Pública

Financiación: Este trabajo fue financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2022-142329OB-C31).



PS2-22

Identificación de microorganismos en superficies de zonas intermedias y limpias de mataderos de vacuno y ovino mediante MALDI-TOF

Rodríguez-Melcón, Cristina^{1,2,3*}; González-Cadenas, Alicia^{1,2,3}; Rodríguez-Melcón, Estefanía^{1,2}; Alonso-Calleja, Carlos^{1,2,3}; Capita, Rosa^{1,2,3}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de León. Campus de Vegazana, s/n, 24071-León, España; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León. Calle La Serna, nº 58, 24007-León, España; Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN), grupo de investigación BIOMICRA. Hospital de León, Altos de Nava s/n, 24071, León, España.

*crodm@unileon.es

Resumen

La presencia de microorganismos en superficies de la industria cárnica tras los procesos de limpieza y desinfección constituye un factor clave en la seguridad alimentaria, especialmente en aquellas áreas que, aun siendo consideradas intermedias o limpias, pueden actuar como reservorio de patógenos. La identificación de estas bacterias permite evaluar la eficacia de los protocolos de higienización y detectar posibles riesgos de contaminación cruzada, contribuyendo así a mejorar el control microbiológico en la industria alimentaria. El objetivo de este estudio fue identificar los microorganismos presentes en superficies de zonas intermedias y limpias de mataderos de vacuno y ovino tras la aplicación de procedimientos de limpieza y desinfección, mediante espectrometría de masas MALDI-TOF, una técnica rápida y fiable para la identificación bacteriana.

Los resultados mostraron la presencia de diversas especies bacterianas en ambas líneas de procesado. En el matadero de vacuno, tanto en zonas intermedias como limpias, se identificaron principalmente *Listeria innocua*, junto con la detección puntual de *Enterococcus hirae* y *Corynebacterium phoceense*. Asimismo, se observó una elevada presencia de *Salmonella* spp. en muestras distribuidas entre zonas intermedias y limpias, lo que evidencia su persistencia en diferentes superficies tras la higienización y su posible capacidad de adaptación al entorno industrial.

En el matadero de ovino, se detectó la presencia de *Listeria monocytogenes* en superficies consideradas limpias, lo que resulta especialmente relevante desde el punto de vista sanitario. Además, al igual que en el caso del vacuno, se observó la presencia recurrente de *Salmonella* spp. en varias muestras, incluyendo tanto zonas intermedias como limpias. La detección de estos patógenos en áreas higienizadas pone de manifiesto la capacidad de supervivencia de microorganismos potencialmente peligrosos en el entorno industrial, incluso tras la aplicación de protocolos de limpieza y desinfección.

En conjunto, los resultados evidencian que, incluso en zonas consideradas limpias, pueden persistir bacterias de interés sanitario como *Salmonella* spp. y *Listeria monocytogenes*. Estos hallazgos refuerzan la necesidad de optimizar los protocolos de limpieza y desinfección, así como de implementar sistemas de vigilancia microbiológica más estrictos que permitan identificar puntos críticos de contaminación, mejorar las condiciones higiénicas y minimizar el riesgo de transmisión de patógenos en la cadena alimentaria.

Palabras clave: MALDI-TOF, superficies industriales, *Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, resistencia antimicrobiana

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación PID2022-142329OB-C31.



PS2-23

Presencia y niveles de *Listeria monocytogenes* en superficies de un matadero de la provincia de León

González-Cadenas, Alicia^{1,2,3*}, Rodríguez-Melcón, Cristina^{1,2,3}, Rodríguez-Melcón, Estefanía^{1,2}, Alonso-Calleja, Carlos^{1,2,3}, Capita, Rosa^{1,2,3}.

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de León. Campus de Vegazana, s/n, 24071-León, España; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León. Calle La Serna, nº 58, 24007-León, España; ³Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN), grupo de investigación BIOMICRA. Hospital de León, Altos de Nava s/n, 24071, León, España. *agoca@unileon.es

Resumen

La contaminación ambiental por *Listeria monocytogenes* en instalaciones cárnicas constituye un desafío constante para la industria, debido a la capacidad de este patógeno para colonizar superficies, integrarse en biofilms y resistir condiciones de estrés propias de los entornos de procesado. Su presencia en superficies de contacto tras los procedimientos rutinarios de limpieza y desinfección puede comprometer la seguridad alimentaria y favorecer la contaminación cruzada durante el sacrificio y manipulación de las canales. Por ello, la detección de células viables de *L. monocytogenes* en el ambiente del matadero es un indicador clave para evaluar la eficacia real de los programas de higienización y para identificar posibles puntos críticos donde la eliminación del patógeno resulta insuficiente. El objetivo de este estudio fue determinar la presencia y cuantificar células de *L. monocytogenes* en superficies de contacto de un matadero de la provincia de León tras la aplicación de los procesos rutinarios de limpieza y desinfección, así como evaluar la utilidad de la qPCR combinada con monoazida de propidio (PMA) para diferenciar entre células viables y no viables. Se tomaron muestras de distintas superficies del proceso de sacrificio representativas de puntos con potencial acumulación de microorganismos. Las muestras fueron analizadas mediante qPCR dirigida al gen *dnaA*, aplicando PMA para excluir el ADN procedente de células muertas y obtener una estimación más precisa de la fracción viable. Se consideraron muestras positivas a todas las que superaron el valor umbral establecido en 0,3 durante 40 ciclos de amplificación. Los resultados mostraron la presencia de *L. monocytogenes* en 2 (8,33%) de las 24 superficies analizadas, correspondientes a su vez con la línea de sacrificio de ovino en ambos casos. Asimismo, ninguna superficie analizada presentó células viables a los 40 ciclos de amplificación. Estos datos reflejan que, pese a la aplicación de los procedimientos rutinarios de higienización, determinadas superficies pueden albergar células de *L. monocytogenes*, lo que indica que la bacteria puede mantenerse en el entorno de procesado y favorecer episodios de contaminación cruzada. La incorporación de la técnica qPCR-PMA permitió descartar la presencia de células viables que no puedan ser detectadas mediante los métodos dependientes de cultivo, poniendo de manifiesto la importancia de emplear técnicas complementarias para obtener una visión más precisa del estado fisiológico del microorganismo. La integración de ambas metodologías se perfila como una estrategia útil para reforzar los programas de vigilancia microbiológica y mejorar la capacidad de detección temprana en instalaciones cárnicas, contribuyendo a optimizar las medidas de control y a reducir el riesgo asociado a la presencia de *L. monocytogenes* en superficies de contacto.

Palabras clave: *Listeria monocytogenes*, qPCR, superficies industriales, cuantificación, PMA.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación PID2022-142329OB-C31.



PS2-24

Composición de la matriz extracelular del biofilm de *Salmonella* Typhimurium tras el tratamiento con nanopartículas aplicadas de forma individual y en combinación con ácido peracético

González-Machado, C.^{1,2,3*}, Capita, R.^{1,2,3}, Alonso-Calleja, C.^{1,2,3}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de León. Campus de Vegazana, s/n, 24071-León, España; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León. Calle La Serna, nº 58, 24007-León, España; ³Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN), grupo de investigación BIOMICRA. Hospital de León, Altos de Nava s/n, 24071, León, España.

*mgonm@unileon.es

Resumen

Un gran número de grupos bacterianos son capaces de formar biopelículas o biofilms. Las bacterias de las biopelículas son mucho más resistentes a los biocidas y a los antibióticos que las células planctónicas, hecho que dificulta en gran medida su eliminación y favorece la persistencia bacteriana en los entornos de procesamiento de alimentos. Algunos estudios recientes han demostrado que las nanopartículas pueden contribuir a la eliminación de estas estructuras, mejorando su eficacia antimicrobiana cuando se combinan con otros biocidas. Entre los biocidas empleados en la Industria Alimentaria, destaca el ácido peracético, siendo considerado un desinfectante de primera elección por su extrema capacidad oxidante y su biodegradabilidad en compuestos inocuos para el medio ambiente (ácido acético, oxígeno y agua), por ello se considera una terapia “verde”. Las nanopartículas de oro (AuNP) se presentan como grandes agentes antibacterianos y han mostrado resultados prometedores frente a las células sésiles de diferentes microorganismos en términos de inhibición del crecimiento o daño celular. Las nanopartículas de plata (AgNP) se han posicionado como un excelente agente antimicrobiano. Las nanopartículas de cobre (CuNP) se han utilizado con éxito como agentes antibacterianos, con una eficacia similar a la presentada por las AgNP o las AuNP. Se valoró el efecto de las tres nanopartículas a la mitad de la concentración mínima inhibitoria (MIC), solas y en combinación con ácido peracético, sobre la biopelícula de *Salmonella* Typhimurium. Se utilizaron seis colorantes fluorescentes para evaluar la viabilidad bacteriana y la composición de la matriz extracelular de la biopelícula por microscopía láser confocal de barrido (CLSM). El tratamiento con ácido peracético provocó una disminución en la cantidad de proteínas de la matriz del biofilm en comparación con el control. Tras el tratamiento con las nanopartículas de oro a 0,50 MIC se encontró un aumento en la cantidad de β -polisacáridos de la matriz extracelular del biofilm. El tratamiento con las nanopartículas de plata a 0,50 MIC se asoció con un ligero aumento en la cantidad de proteínas y un aumento de las células inactivadas. El tratamiento que presenta una mejor eficacia en la eliminación de la biopelícula de *S. Typhimurium* fue el AP 0,25 MIC aplicado juntamente con las nanopartículas de cobre. Las nanopartículas, aplicadas individualmente o combinadas con otros biocidas, son una opción interesante para eliminar las biopelículas de *Salmonella* Typhimurium de las superficies. El estudio del efecto de estos antimicrobianos sobre los diferentes constituyentes individuales de la matriz polimérica extracelular de los biofilms permite conocer mejor su mecanismo de acción y diseñar protocolos de limpieza y desinfección más eficaces.

Palabras clave: nanopartículas, biofilm, CLSM, ácido peracético, *Salmonella*.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación (PID2022-142329OB-C31).



PS2-25

Detección de *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* O157:H7 mediante siembra directa en superficies de matadero

Capita, Rosa^{1,2,3*}; González-Cadenas, Alicia^{1,2,3}; Rodríguez-Melcón, Estefanía^{1,2}; Rodríguez-Melcón, Cristina^{1,2,3}; Alonso-Calleja, Carlos^{1,2,3}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de León. Campus de Vegazana, s/n, 24071-León, España; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León. Calle La Serna, nº 58, 24007-León, España; Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN), grupo de investigación BIOMICRA. Hospital de León, Altos de Nava s/n, 24071, León, España.

*rosa.capita@unileon.es

Resumen

La detección de microorganismos patógenos en superficies inertes de la industria cárnica es fundamental para evaluar la eficacia de los procesos de limpieza y desinfección y prevenir riesgos de contaminación cruzada. La siembra directa en medios selectivos permite identificar de forma rápida la presencia de bacterias de interés sanitario, facilitando la detección de posibles fallos en los protocolos de higienización y, por lo tanto, el control microbiológico. El objetivo de este estudio fue evaluar la presencia de *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* O157:H7 en superficies de matadero mediante siembra directa tras los procesos de limpieza y desinfección, con el fin de valorar la persistencia de estos microorganismos en el entorno industrial.

Las muestras fueron recogidas en distintas superficies y sembradas directamente en agar Rambach para la detección de *Salmonella* spp., en medio OCLA para *L. monocytogenes* y en agar Sorbitol MacConkey (SMAC) para la detección de *Escherichia coli* O157:H7. Los resultados mostraron una elevada variabilidad en los recuentos de *Salmonella* spp., con valores que oscilaron desde ausencia de crecimiento hasta recuentos elevados, superiores a 10^3 ufc por placa en determinadas muestras, lo que evidencia la existencia de puntos críticos de contaminación tras los procesos de higienización y posibles deficiencias en la limpieza de determinadas superficies.

En relación con *L. monocytogenes*, se detectó su presencia únicamente en una de las muestras analizadas, con dos aislamientos en la misma superficie, lo que pone de manifiesto una baja prevalencia, pero confirma la presencia de este patógeno, de elevada relevancia sanitaria, en el entorno estudiado. Por su parte, no se observó crecimiento compatible con *Escherichia coli* O157:H7 en ninguna de las superficies analizadas, lo que sugiere una ausencia de este microorganismo o niveles por debajo del límite de detección.

La presencia de *Salmonella* spp. en múltiples superficies, junto con la detección puntual de *L. monocytogenes*, pone de manifiesto la capacidad de estos patógenos para persistir tras los procesos de limpieza y desinfección. En conjunto, estos resultados evidencian la necesidad de optimizar los protocolos de higienización y reforzar los sistemas de control microbiológico para reducir el riesgo de contaminación y mejorar la seguridad en la cadena alimentaria.

Palabras clave: Siembra directa, *Salmonella*, *Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli* O157:H7, resistencia antimicrobiana

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación PID2022-142329OB-C31.



PS2-26

Perfil de resistencia a antibióticos en cepas de *Salmonella* aisladas de superficies de mataderos: implicaciones para la seguridad alimentaria

Alonso-Calleja, Carlos^{1,2,3*}; González-Cadenas, Alicia^{1,2,3}; Rodríguez-Melcón, Estefanía^{1,2}; Rodríguez-Melcón, Cristina^{1,2,3}; Capita, Rosa^{1,2,3}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de León. Campus de Vegazana, s/n, 24071-León, España; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León. Calle La Serna, nº 58, 24007-León, España; Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN), grupo de investigación BIOMICRA. Hospital de León, Altos de Nava s/n, 24071, León, España.

*carlos.alonso.calleja@unileon.es

Resumen

La salmonelosis es una de las principales zoonosis asociadas a enfermedades transmitidas por alimentos en la Unión Europea, lo que pone de manifiesto la importancia del control de *Salmonella* en la cadena alimentaria. En este contexto, la resistencia a antibióticos constituye un problema creciente que puede comprometer la eficacia de los tratamientos y favorecer la diseminación de cepas resistentes, tanto en el ámbito clínico como en el entorno agroalimentario. El objetivo de este estudio fue analizar el perfil de sensibilidad a antibióticos de cepas de *Salmonella* aisladas de superficies de acero inoxidable en mataderos tras los procesos de limpieza y desinfección, con el fin de evaluar su posible persistencia y su relevancia desde el punto de vista de la seguridad alimentaria.

Los resultados mostraron una elevada sensibilidad frente a antibióticos β -lactámicos de amplio espectro, como amoxicilina-clavulánico, ceftazidima, cefotaxima, meropenem y aztreonam (100%). En contraste, se detectaron altos niveles de resistencia frente a kanamicina y ampicilina (84,6%), así como frente a estreptomycin y tetraciclina (76,9%), lo que evidencia una menor eficacia de estos compuestos frente a las cepas analizadas. Otros antibióticos, como cloranfenicol, ciprofloxacina, ácido nalidíxico y trimetoprim-sulfametoxazol, mostraron mayor variabilidad en los perfiles de respuesta, reflejando diferencias entre cepas.

Asimismo, la mayoría de los aislamientos presentaron resistencia a uno o varios antibióticos, evidenciando la presencia de patrones de multirresistencia. Este hecho resulta especialmente relevante, ya que la coexistencia de resistencias puede dificultar el tratamiento de infecciones y favorecer la selección de las cepas más adaptadas. La detección de estas cepas en superficies previamente higienizadas pone de manifiesto la capacidad de persistencia de *Salmonella* en el entorno industrial, incluso tras la aplicación de protocolos de limpieza y desinfección.

En conjunto, los resultados obtenidos refuerzan la necesidad de mantener programas de vigilancia microbiológica en la industria alimentaria, así como de optimizar las estrategias de control higiénico. Asimismo, subrayan la importancia de promover un uso prudente y racional de los antibióticos para limitar la aparición y diseminación de resistencias a lo largo de la cadena alimentaria.

Palabras clave: *Salmonella*, resistencia antimicrobiana, antibiograma, matadero, seguridad alimentaria.

Financiación: Ministerio de Ciencia e Innovación PID2022-142329OB-C31.



PÓSTERS SESIÓN 3





PS3-01

Determinantes de susceptibilidad a la endolisina LysRODI en *Staphylococcus aureus*

Jurado, A*, Fernández, L, García, P

Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Oviedo, España

*andrea.jurado@ipla.csic.es

Resumen

Las endolisinas derivadas de bacteriófagos son alternativas prometedoras a los antimicrobianos convencionales frente a *Staphylococcus aureus*, pero se conoce poco sobre los determinantes genéticos que condicionan la susceptibilidad bacteriana a estas enzimas.

En este estudio, se analizó una colección de 100 cepas de *S. aureus* para identificar genes asociados con la susceptibilidad a la endolisina LysRODI. La secuenciación de los genomas se realizó mediante Illumina HiSeq2000, y la susceptibilidad se evaluó mediante ensayos de turbidez, clasificándose las cepas en tres categorías según la actividad relativa frente a la cepa de referencia Sa9.

Se generaron matrices de presencia/ausencia de proteínas intactas y distancias filogenéticas para análisis de asociación genómica usando Pyseer y Scoary, incorporando corrección filogenética. El genoma accesorio se estudió mediante reconstrucción del pangenoma con Roary y análisis propios en R. La integración de todos los resultados de los programas, junto con la selección de genes con funciones de interés, permitió definir un conjunto de 140 genes candidatos asociados a diferencias en susceptibilidad.

Estos genes se evaluaron a través del estudio de los mutantes correspondientes de la colección Nebraska Transposon Mutant Library (NARSA). La susceptibilidad se analizó mediante ensayos MIC con mediciones de OD₆₀₀ cada 30 min durante 24 h a 37°C, y calculando el área bajo la curva (AUC). Entre los genes seleccionados, *fmtA* se caracterizó en mayor profundidad, realizando ensayos fenotípicos de producción de autolisinas y formación de biofilm.

Estos resultados aportan nuevos conocimientos sobre la susceptibilidad a endolisinas y sientan las bases para modelos predictivos y estrategias terapéuticas.

Palabras clave: antimicrobianos, susceptibilidad, endolisina LysRODI, *S. aureus*



PS3-02

Caracterización de la eficacia de una mezcla bioconservante para el control de *Staphylococcus aureus* en la producción quesera

Magdalena, A^{1*}; Fernández, L¹; García, P¹

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Oviedo

*ana.magdalena@ipla.csic.es

Resumen

La industria láctea explora de forma continua nuevas estrategias que garanticen tanto la seguridad alimentaria como la calidad sensorial de los quesos, además de contribuir a alargar su vida útil. En este contexto, se analizó la eficacia de combinar distintos agentes antimicrobianos, entre ellos el bacteriófago phiIPLA-LAVI, la endolisina LysRODIΔAmi y la nisina.

Los experimentos se llevaron a cabo en modelos de queso producidos a pequeña escala, siguiendo el proceso tradicional de la variedad asturiana “Afuega’l pitu”. Para asegurar su semejanza con la producción real, se utilizaron los mismos cultivos iniciadores y se reprodujeron las etapas habituales de coagulación, desuerado y maduración. Con el objetivo de evaluar la eficacia de los tratamientos, la leche fue previamente contaminada con *Staphylococcus aureus*, un patógeno de relevancia en la industria quesera debido a su capacidad para generar toxinas y afectar la seguridad del consumidor. Este planteamiento experimental permitió analizar el efecto de las distintas combinaciones antimicrobianas a lo largo de las fases de elaboración, en condiciones cercanas a las de una producción artesanal.

Los resultados evidenciaron que la aplicación conjunta de los tres antimicrobianos fue más eficaz que su uso individual, logrando la eliminación del patógeno. Asimismo, en los tratamientos combinados no se detectaron colonias resistentes, a diferencia de lo observado cuando los agentes se aplicaron por separado. Por otro lado, los ensayos confirmaron que estos tratamientos no afectaron a la población de los cultivos iniciadores.

Este planteamiento pretende evaluar si la utilización simultánea de fagos, endolisinas y bacteriocinas permite un control más efectivo de *S. aureus*, sin alterar la microbiota fermentativa encargada de conferir al queso sus características distintivas.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, bacteriófago, industria alimentaria, queso, endolisina

Financiación: This work was funded by grants:

PID2022-140988OB-I00MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UEPREP2022-00447



PS3-03

Eliminación de *Anisakis* spp. en despojos de pescado mediante Pulsos Eléctricos de Alto Voltaje

Bielsa, M.¹, Abad, V.¹, Ruiz, A.¹, Guillén, S.¹, Cebrián, G.¹, Álvarez-Lanzarote, I.^{1*}

¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), España

*nacho.alvarez@unizar.es

Resumen

La eliminación al mar de vísceras de pescado y restos de peces y cefalópodos conteniendo larvas vivas de *Anisakis* spp. ha aumentado la incidencia de este parásito zoonótico en pescado procedente del mar. Ya se comercializan equipos para buques de pesca con el fin de eliminar larvas de *Anisakis* de vísceras y despojos, pero su alto precio y los tiempos de procesado largos limitan su uso. Los Pulsos Eléctricos de Alto Voltaje (PEF) podrían ser una alternativa; sin embargo, hasta la fecha no hay datos de esta aplicación para eliminar *Anisakis* en vísceras de pescado y residuos de la industria pesquera. Es por ello por lo que el objetivo de este trabajo ha sido evaluar esta posibilidad y compararla con otras alternativas como un calentamiento convencional, un calentamiento asistido por ultrasonidos y el uso de pulsos eléctricos de alto voltaje (PEF) como un nuevo sistema de calentamiento óhmico. Cada técnica fue analizada en términos de velocidad de penetración de calor e inactivación de larvas L3 de *Anisakis* spp. Los resultados mostraron que los PEF, al aplicar un calentamiento óhmico volumétrico, destacaban por su capacidad para alcanzar temperaturas objetivo en tiempos significativamente menores, reduciendo hasta un 68% el tiempo necesario para la inactivación de un mismo número de parásitos en comparación con los otros métodos. Se desarrollaron ecuaciones matemáticas que han permitido estimar el calentamiento por las tres tecnologías, así como predecir la letalidad acumulada de las larvas bajo distintas condiciones de tratamiento, proporcionando una herramienta de toma de decisiones para optimizar procesos, destacando los PEF como una solución prometedora para la gestión de residuos y control de *Anisakis* en productos de la pesca.

Palabras clave: Pulsos Eléctricos de Alto Voltaje, parásitos, zoonosis, inactivación.

Financiación: V.A. y A.R. agradecen el apoyo financiero del Gobierno de Aragón. Esta investigación ha sido financiada por la Dirección General de Ciencia e Investigación y por el Fondo Social Europeo del Gobierno de Aragón (ZeroPARASITOS PROY_A16_24, A03_23R).



PS3-04

Efecto de los Pulsos Eléctricos de Alto Voltaje (PEF) en el comportamiento de *Anisakis* spp.

Ruiz, A.¹, Ezquerro, F.¹, Abad, V.¹, Guillén, S.¹, Cebrián, G.¹, Álvarez-Lanzarote, I.^{1*}

¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), España

*nacho.alvarez@unizar.es

Resumen

La parasitación de la merluza por *Anisakis* cobra relevancia debido a su elevada prevalencia, que además de ocasionar pérdidas económicas, supone un riesgo sanitario al ser la anisakiasis una zoonosis alimentaria. Con el fin de evitar el consumo de pescado con larvas L3 de *Anisakis* vivas que puedan ser responsables de una anisakiasis en humanos, actualmente, los métodos más eficaces para inactivar estos parásitos incluyen la congelación del pescado o el cocinado a temperaturas superiores a 60 °C durante al menos un minuto en el centro del pescado. Sin embargo, estos procedimientos afectan a la calidad del producto fresco, siendo necesarias alternativas tecnológicas como los Pulsos Eléctricos de Alto Voltaje (PEF). Si bien los resultados en cuanto a la inactivación de *Anisakis* son prometedores, se desconoce el efecto que podría tener esta tecnología sobre aquellos parásitos que resisten el tratamiento, por ejemplo, en su capacidad de invasión de tejidos como los que se produce en el proceso de parasitación, siendo éste el objetivo de este trabajo.

Con el fin de estudiar el comportamiento de *Anisakis*, concretamente la capacidad de invadir tejidos, tanto en pescado como en humanos, de las larvas L3 que sobreviven a tratamientos PEF, se evaluó la capacidad de invasión *in vitro* de larvas L3 de *Anisakis* tras tratamientos PEF de distintas intensidades (entre 0 y 5 kV/cm y 20 kJ/Kg), simulando las condiciones dadas en el estómago y en el intestino, así como la acción del jugo gástrico, utilizando medios de laboratorio.

Tratamientos PEF de 5 kV/cm y 20 kJ/kg, además de conseguir una inactivación inicial de las larvas presentes en trozos de pescado parasitado (hasta de un 73% de reducción de la población de las larvas L3), produjo una disminución de su supervivencia en presencia del simulado de jugo gástrico del 74% (parásitos no tratados) a menos del 1% (tratados por PEF) y una reducción de su capacidad de penetración en ensayos *in vitro* del 8 (no tratados) a menos de un 0,5% (tratados por PEF), probablemente debido al daño subletal causado por los PEF.

Estos resultados apuntan a que el tratamiento por PEF reduciría el riesgo de padecer anisakiasis al consumir pescado contaminado, incluso en el caso de que no se produjese el 100% de inactivación del parásito tras el tratamiento PEF aplicado en el pescado.

Palabras clave: Pulsos Eléctricos de Alto Voltaje, parásitos, zoonosis, inactivación.

Financiación: V.A. y A.R. agradecen el apoyo financiero del Gobierno de Aragón. Esta investigación ha sido financiada por la Dirección General de Ciencia e Investigación y por el Fondo Social Europeo del Gobierno de Aragón (ZeroPARASITOS PROY_A16_24, A03_23R).



PS3-05

Biocontrol de *P. lundensis* en corteza de queso mediante terapia fágica.**Rodríguez-Pinilla, J.^{1*}, Molina, F.², Almeida, A.³, Tabla, R.¹**¹Centro de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de Extremadura; ²Universidad de Extremadura; ³Universidade de Aveiro

*joaquin.rodriguezpi@juntaex.es

Resumen

El género *Pseudomonas* es un amplio grupo de bacterias que incluye algunas especies implicadas en el deterioro de alimentos. En queso pueden causar alteraciones significativas en la corteza, dado que algunas cepas producen pigmentos. Los bacteriófagos se plantean como una herramienta de biocontrol prometedora, ya que permiten reducir de forma específica las poblaciones responsables del deterioro sin afectar a la microbiota beneficiosa del producto. Su aplicación puede contribuir a mejorar la estabilidad microbiológica del queso.

El objetivo de este trabajo ha sido evaluar la capacidad de un cóctel compuesto por tres bacteriófagos para controlar las alteraciones cromáticas provocadas por *P. lundensis* en la corteza de quesos de pasta blanda.

Para ello, quesos recién elaborados fueron higienizados e inoculados con una cepa de *P. lundensis* productora de piorrubina. Posteriormente se aplicó en la superficie del queso el cóctel de fagos utilizando una MOI de 0,1. Los quesos se maduraron durante 28 días simulando las condiciones de la industria quesera. Se hicieron recuentos de fagos y *Pseudomonas* spp. el mismo día del tratamiento y tras 1, 4, 7, 14 y 28 días de maduración.

Durante los primeros días de maduración, los quesos tratados presentaron recuentos de *Pseudomonas* significativamente inferiores a los del control. Además, estos quesos presentaron una menor intensidad en la alteración cromática en su superficie. No obstante, a partir del día 14 los recuentos bacterianos en los quesos tratados tendieron a converger con los del control. Además, se observó un incremento en el título fágico presente en corteza a partir del día 4 de maduración, manteniéndose estable hasta el final del ensayo.

En conclusión, el cóctel de bacteriófagos mostró una eficacia significativa en la reducción temprana de *P. lundensis* en la superficie del queso, aunque su efecto no se mantuvo durante toda la maduración.

Palabras clave: *Pseudomonas lundensis*, terapia fágica, alteraciones de corteza.

Financiación: Este trabajo ha sido financiado por el proyecto 0100_TID4AGRO_4_E, cofinanciado por la Unión Europea a través del Programa Interreg VI-A España-Portugal (POCTEP) 2021-2027



PS3-06

Plant part and maturity jointly define antimicrobial hierarchy and differentiated valorization routes in broccoli by-product extracts

Gudiño I.^{1,2*}, Martín A.^{1,2}, Casquete R.^{1,2}, Benito M.J.^{1,2}, Alonso J.^{2,3}

¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de los Alimentos, Nutrición y Bromatología, Escuela de Ingenierías Agrarias, Universidad de Extremadura, Avda. Adolfo Suárez s/n, 06007 Badajoz, Spain; ²Instituto Universitario de Investigación de Recursos Agrarios (INURA), Universidad de Extremadura, Campus Universitario, Avda. de la Investigación s/n, 06006 Badajoz, Spain; ³Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos y Nutrición (ICTAN-CSIC), C/ José Antonio Novais, 6, Madrid, Spain.

*igudino@unex.es

Summary

Broccoli (*Brassica oleracea* var. *italica*) processing generates massive volumes of agro-industrial by-products. Within a circular bioeconomy framework, these heterogeneous biomass streams require targeted upcycling strategies, as their valorization may depend on bioactivities not captured by conventional phenolic- or glucosinolate-centered screening. Here, the antimicrobial response of ultrasound-assisted ethanolic extracts from broccoli cv. 'Parthenon' was resolved across plant part and maturity stage, and then positioned within a broader functional valorization framework.

Lyophilized extracts from broccoli leaf, stem, and inflorescence, collected at three maturity stages (bud, commercial, and over-mature), were evaluated for antimicrobial activity against *Bacillus cereus*, *Staphylococcus aureus*, and *Listeria innocua* at 80, 60, and 40 ppm. The analytical approach combined dose-response assessment with factorial ANOVA (Type III, Benjamini-Hochberg corrected), microorganism-specific indices, a global antimicrobial score, and robust z-score prioritization of Part × Maturity combinations, together with comparison against six reference functional traits.

The dataset comprised 53 observations and showed a highly coherent dose-dependent pattern, with the expected monotonic response ($80 \geq 60 \geq 40$) observed in 98.1% of cases for each microorganism and in 94.3% across all three simultaneously. While the highest concentration approached a partial ceiling effect, intermediate and low doses provided greater discriminatory power. Plant part was the main driver of antimicrobial variation across all endpoints, particularly at the lowest concentration, with partial eta-squared values up to 0.866. A clear and stable hierarchy was identified, with stem showing the highest global score, inflorescence an intermediate position, and leaf the weakest overall profile. This pattern was confirmed by prioritization rankings: the complete top tier was occupied by stem-based combinations, led by Stem/Over-mature (0.889), Stem/Bud (0.852), and Stem/Commercial (0.759), whereas Leaf/Commercial ranked last (0.093). Finally, antimicrobial activity showed an inverse relationship with total phenolics, ABTS, DPPH, and antihypertensive activity (Spearman $\rho = -0.505$ to -0.748), while associations with glucosinolate-related metrics were weak, indicating a distinct functional behavior.

These results demonstrate that broccoli by-products do not converge on a single universally optimal stream. Instead, plant part and maturity define differentiated valorization routes, with stem emerging as the most robust source under antimicrobial prioritization within the evaluated cultivar-extraction domain.

Palabras clave: Broccoli by-products, Antimicrobial activity, Plant part, Maturity, Functional prioritization.

Financiación: Co-financed 85% by the European Union, European Regional Development Fund, and the Regional Government of Extremadura. Managing Authority: Ministry of Finance (GR24164).



PS3-07

Efecto del PLASMA FRÍO sobre el potencial probiótico de *Saccharomyces boulardii*

Gazquez-Coronado, Maria¹, Sanchis-Puertas, Izan¹, Mateo, Eva², Beyrer, Michael³, Pina-Pérez, Maria Consuelo^{1*}

¹Departamento Microbiología y Ecología, Facultad Biológicas, Universidad de Valencia, Valencia, Spain;

²Departamento Microbiología y Ecología, Facultad Medicina, Universidad de Valencia, Valencia, Spain;

³Institute Life Technologies, HES.SO VALAIS-WALLIS, Sion, Switzerland

*maría.c.pina@uv.es

Resumen

Actualmente, la industria alimentaria demanda una elevada capacidad de innovación, alineada con las cambiantes expectativas de los consumidores, así como el cumplimiento de estrictos requisitos de seguridad en un mercado altamente globalizado. En este contexto, el desarrollo de nuevos productos probióticos se posiciona como una estrategia de gran aceptación, con un impacto positivo demostrado sobre la salud.

El presente estudio tiene como objetivo evaluar el uso de la tecnología de plasma frío (PF) como herramienta para la mejora tecnológica de *Saccharomyces boulardii*, determinando el potencial de tratamientos subletales para optimizar parámetros asociados a su funcionalidad probiótica, tales como la producción de mananos, la resistencia al tránsito gastrointestinal y la capacidad de autoagregación. Asimismo, se plantea validar el uso de cepas tecnológicamente mejoradas mediante PF en el desarrollo de nuevos yogures con propiedades funcionales.

Para ello, se ensayaron diferentes condiciones de tratamiento por PF en el rango de 100 a 300 W y tiempos de exposición de 1 a 15 minutos, identificando aquellas condiciones que inducen daño reversible. Las subpoblaciones obtenidas bajo condiciones subletales fueron evaluadas en los parámetros anteriormente mencionados. En particular, combinaciones de 200–300 W durante 5–7 minutos resultaron efectivas en la estimulación e incremento en la producción de mananos (50–70 % respecto al control), una mayor resistencia al tránsito gastrointestinal (80–90 % frente a 20–50 % en la población control) y una mejora en la capacidad de autoagregación (30–40 % frente a 10–20 % en el control) de las subpoblaciones tratadas.

La incorporación de inóculos tratados por PF bajo las condiciones seleccionadas en yogur natural fue analizada en términos de su perfil peptidómico. Los resultados evidenciaron un incremento significativo en la producción de péptidos bioactivos en comparación con yogures inoculados con *S. boulardii* no tratada.

En conjunto, los resultados obtenidos abren nuevas perspectivas para el desarrollo de estrategias dirigidas a la nutraceutica personalizada, mediante la aplicación de tecnologías emergentes como el plasma frío para la mejora funcional de microorganismos probióticos.

Palabras clave: Plasma frío (PF), *Saccharomyces boulardii*, nutraceuticos, yogur, probióticos, mananos.

Financiación: Este trabajo ha sido financiado por la Agencia Estatal de Investigación (AEI) / Ministerio de Ciencia e Innovación, a través del proyecto PID2023-149211OB-C33.



PS3-08

Vermiculita activada como material mineral antiadhesivo para el control de *Listeria monocytogenes* en sistemas agrícolas

Marcos, C.^{1,2,3*}, Álvarez-Lloret, P.⁴, Miguélez, E.M.^{1,2,3}, Lombó, F.^{1,2,3*}

¹Depto. Biología Funcional, Univ. Oviedo, Avda. Julián Clavería s/n, 33006 Oviedo, Asturias, España; ²Inst. Univ. Oncología Principado de Asturias (IUOPA), Univ. Oviedo, Avda. Julián Clavería s/n, 33006 Oviedo, Asturias, España; ³Inst. de Invest. Sanitaria Principado de Asturias (ISPA), Univ. Oviedo, Avda. Julián Clavería s/n, 33006 Oviedo, Asturias, España; ⁴ Depto. Geología, Univ. Oviedo, C/ Jesús Arias de Velasco s/n, 33005 Oviedo, Asturias, España.

*cmarcos@uniovi.es; lombofelipe@uniovi.es

Resumen

La presencia de *Listeria monocytogenes* en suelos agrícolas constituye un riesgo relevante para la contaminación de cultivos destinados al consumo humano. En este contexto, el desarrollo de estrategias basadas en minerales representa una alternativa sostenible para limitar la persistencia de patógenos en el entorno edáfico. En este trabajo se evalúa el efecto de la activación estructural de vermiculita mediante tratamiento oxidativo (H_2O_2) sobre su interacción con *L. monocytogenes*.

Los resultados de difracción de rayos X (DRX) y espectroscopia de infrarrojos (IR-ATR) indican que el tratamiento aplicado induce una reconfiguración superficial sin alterar la estructura laminar 2:1, favoreciendo la movilidad de cationes interlaminares (Mg^{2+} , Ca^{2+} , K^+ , Na^+) y la formación de interfaces reactivas. La vermiculita sin tratar muestra una interacción microbiológica débil y variable (Fig. 1a), y tras la activación se observa una inhibición significativa de la adhesión de *L. monocytogenes* sin actividad bactericida (Fig. 1b). Este comportamiento apunta a un mecanismo controlado por la modificación de las propiedades superficiales, reduciendo la colonización bacteriana (Fig. 1c). En línea con la literatura, la vermiculita actúa como plataforma funcional dependiente de su estado estructural.

La vermiculita activada puede emplearse así como aditivo agrícola para reducir la persistencia de *Listeria monocytogenes* mediante un mecanismo antiadhesivo no biocida.

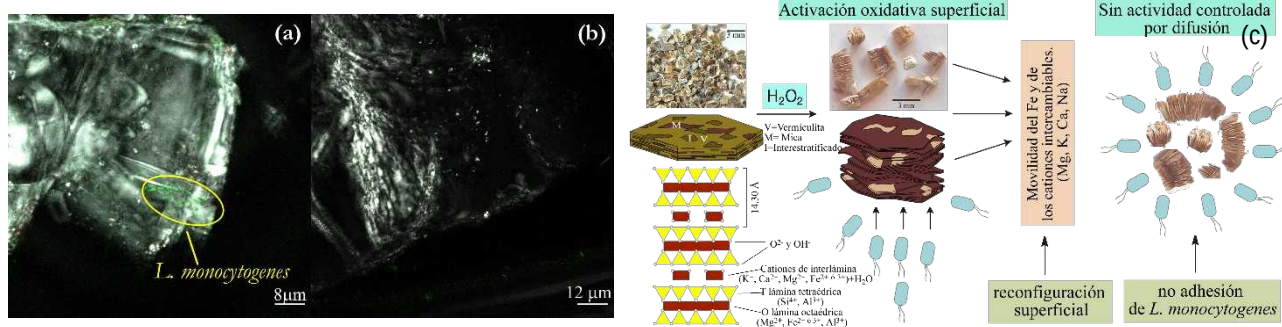


Fig 1. (a) Vermiculita sin tratar: interacción débil y variable. (b) Tras activación: inhibición de *L. monocytogenes*. (c) Esquema de la activación con H_2O_2 : reconfiguración superficial, movilidad catiónica y reducción de la adhesión.

Palabras clave: Vermiculita, H_2O_2 , movilidad catiónica, interacción mineral-bacteria

Financiación: MICIU: AGL2021-127812OB-I00, PID2024-161146OB-C22; AEI y FEDER-UE: MICIU/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE; Servicios Científico-Técnicos Univ. Oviedo y Centro de Instrumentación Científica (CIC) Univ. Granada.



PS3-10

Combined phage-based biopreservation against *Staphylococcus aureus* in a laboratory-scale Vidiago cheese model

Youssef, O*, Agún, S, Fernández, L, García, P

Instituto de Productos Lácteos de Asturias, IPLA-CSIC

*olivia.youssef@ipla.csic.es

Summary

The control of *Staphylococcus aureus* in artisanal cheeses remains a major challenge due to the complexity of the cheese matrix and the difficulties associated with applying antimicrobial strategies during cheese manufacture. In this context, phage-derived antimicrobials and bacteriocins represent promising natural alternatives to improve microbiological safety. The aim of this work was to evaluate the antimicrobial efficacy of the bacteriocin nisin, the bacteriophage phiPLA-RODI, and the engineered phage endolysin LysRODIΔAmi, applied individually and in combination, against *S. aureus* in a laboratory-scale Vidiago cheese model, a traditional artisanal cheese from Asturias (Spain). In addition, the activity and stability of these antimicrobials throughout the cheese-making process, as well as their interaction with the starter culture, were monitored. To this end, a pilot-scale Vidiago cheese-making protocol was first adapted to laboratory conditions at a 1 L scale and subsequently miniaturized to a 20 mL milk model to enable controlled screening while reducing reagent consumption, particularly given the high cost of endolysin. This miniaturized model was then used as a rapid and reproducible platform for preliminary antimicrobial evaluation prior to future scale-up. Cheese manufacture was carried out using milk inoculated with *S. aureus* Sa9 strain, with treatments added prior to processing. The effect of each antimicrobial, both individually and in combination, was assessed by enumeration of *S. aureus* on Baird-Parker agar, while starter culture viability was monitored on MRS agar. In parallel, pH evolution, phage titers, and endolysin activity were monitored at different processing stages: immediately after treatment addition, after curd formation, in whey after curd formation, after 5 h NaCl brining, and after 1 week of ripening at 12 °C. Preliminary results indicate that the triple combination of nisin, phiPLA-RODI, and LysRODIΔAmi produced a stronger anti-staphylococcal effect at early time points than any individual treatment. In addition, no inhibitory effect on the starter culture was observed under the evaluated conditions. Overall, these findings support the potential of combined phage-based biopreservative strategies as selective and transferable tools to improve the microbiological safety of artisanal cheeses. Ongoing work is focused on optimizing treatment concentrations, particularly reducing endolysin dosage without compromising antimicrobial efficacy.

Palabras clave:

Staphylococcus aureus, bacteriophages, endolysins, nisin, artisanal cheese

Financiación: This work was funded by grants PID2022-140988OB-I00 (MCIN/AEI/10.13039/501100011033/FEDER, UE) and Grant IDE/2024/000721 funded by AGENCIA SEKUENS (Gobierno de Asturias) and FEDER, EU.

Olivia Youssef holds a fellowship from: Programa “Severo Ochoa” de Ayudas para la investigación y docencia del principado de Asturias BB22-137.



PS3-11

Eficacia de un recubrimiento comestible con carvacrol y citral para el control de *Escherichia coli*, *Salmonella enterica*, *Listeria monocytogenes* y norovirus en fresas y arándanos congelados**Pié-Amill, A.^{1*}, Colàs-Medà, P.^{1,2}, Viñas, I.¹, Alegre, I.¹**¹Unidad de Biología y Tecnología de Postcosecha, Departamento de Tecnología, Ingeniería y Ciencia de Alimentos, Universitat de Lleida, Centro AGROTECNIO-CERCA (Av. Rovira Roure 191, 25198, Lleida)²Pla Serra Húnter

*anna.pie@udl.cat

Resumen

En 2014, la EFSA publicó un informe sobre el riesgo asociado a la presencia de *Salmonella* spp. y norovirus en frutos rojos. Desde 2020 se han registrado 14 alertas relacionadas con la presencia de bacterias o virus enteropatógenos en frutos rojos congelados. En este contexto, los recubrimientos comestibles se proponen como una estrategia para incorporar sustancias antimicrobianas a los alimentos.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la eficacia de un recubrimiento comestible (RP-7) a base de pectina, carvacrol y citral para el control de patógenos de transmisión alimentaria en fresas y arándanos congelados.

La eficacia del RP-7 se evaluó frente a un cóctel formado por tres cepas de *Salmonella enterica*, tres de *Listeria monocytogenes* y una de *Escherichia coli* O157:H7, así como frente a norovirus murino (MNV-1), utilizado como subrogado de norovirus. Fresas y arándanos se inocularon para obtener una concentración inicial de 10⁶ ufc/fruta (bacterias) o 10⁶ ufp/fruta (MNV-1). Tras el secado del inóculo, se aplicó el recubrimiento RP-7 por inmersión y se dejó secar durante 45 minutos a 4 °C. Posteriormente, la fruta se congeló con nitrógeno líquido y se almacenó a -18 °C durante 1, 2, 3, 4 y 8 semanas, determinándose en cada tiempo la población de bacterias y virus.

En las fresas congeladas, la población de *S. enterica* se redujo en 2,6 log ufc/fruta la primera semana, mientras que *E. coli* O157:H7 y *L. monocytogenes* se redujeron más de 3 log ufc/fruta la tercera semana, con respecto al control no recubierto, alcanzando niveles por debajo del límite de detección en los tres patógenos tras 8 semanas. En el caso de MNV-1, se observó una reducción de 1,7 log ufp/fresa a la cuarta semana respecto al control no recubierto.

En arándanos congelados, *S. enterica* presentó reducciones superiores a 2 log ufc/fruta en la primera semana, *E. coli* O157:H7 redujo más de 2,5 log ufc/fruta en la tercera semana y *L. monocytogenes* alcanzó reducciones de 1,3 log ufc/fruta con respecto al control no recubierto. Tras 8 semanas, la población de *S. enterica* y *E. coli* O157:H7 se situó por debajo del límite de detección. El RP-7 mostró una menor eficacia frente a MNV-1, con reducciones de 0,8 log ufp/arándano respecto al control.

En conclusión, el recubrimiento comestible RP-7 es una estrategia prometedora para mejorar la seguridad alimentaria en frutos rojos congelados.

Palabras clave: aceites esenciales, antimicrobianos, patógenos alimentarios, fruta**Financiación:** Actividad financiada a través de la operación 01.02.01 de Transferencia Tecnológica del Programa de desarrollo rural de Cataluña (2014-2022) (5630137 2021 2A) y por la beca predoctoral de Pié-Amill, A. gracias a l'Agència de Gestió d'Ajuts Universitaris i de Recerca (AGAUR)(2024FI-100342)



PS3-12

Inhibición de *Pseudomonas* spp. alterantes de leche y productos lácteos por extractos vegetales procedentes de subproductos agroalimentariosHernández-Gelabert, B¹, Codina, MC², Garde, S^{1*}, Picón, A¹, Sánchez, C¹,Calzada, J¹, Espinosa, L¹, Berruga, MI², Ávila, M¹

¹Grupo de Tecnología de Productos Lácteos y Cárnicos, Departamento de Tecnología de Alimentos, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Carretera de La Coruña Km 7, 28040 Madrid; ²Grupo de Calidad Alimentaria, Instituto de Desarrollo Regional (IDR), Universidad de Castilla La Mancha (UCLM), 02071 Albacete

*sgarde@inia.csic.es

Resumen

Pseudomonas es el principal género implicado en el deterioro de productos lácteos refrigerados, causando defectos de color, sabor y textura en leche y queso fresco. También está asociado con la contaminación post-pasteurización debido a su capacidad para formar biofilms. Las estrategias actuales para prevenir estos defectos reducen, pero no eliminan, la contaminación por *Pseudomonas*, por lo que se necesitan nuevas soluciones. El uso de extractos vegetales procedentes de subproductos agroalimentarios es una alternativa con potencial debido a su capacidad antimicrobiana, que además revaloriza estos subproductos, contribuyendo a la sostenibilidad y concepto de economía circular. La actividad antimicrobiana de los extractos vegetales se basa en la presencia de metabolitos secundarios que las plantas emplean como defensa frente a patógenos. Su efecto inhibitorio se ha demostrado frente a bacterias y hongos patógenos y alterantes de alimentos.

En este trabajo se ha evaluado el efecto de 6 extractos acuosos de subproductos vegetales (vaina de guisante, cáscara de almendra, hollejo y raspón de uva, higo chumbo y brócoli) y 6 hidrolatos (lavanda, canela, clavo, jara, tomillo y orégano), subproductos de la destilación de plantas aromáticas para obtener aceites esenciales, sobre el crecimiento y la formación de biofilms de 10 cepas de *Pseudomonas* de origen lácteo, seleccionadas por su potencial alterante, su capacidad para formar biofilms y su resistencia a antibióticos. Los extractos acuosos de los 6 subproductos vegetales no inhibieron totalmente el crecimiento ni la formación de biofilms de ninguna de las cepas de *Pseudomonas*. El mismo resultado se obtuvo con los hidrolatos de jara y tomillo. Sin embargo, el hidrolato de lavanda inhibió totalmente el crecimiento de una cepa, tanto en refrigeración (6°C) como a temperatura ambiente (25°C). Los hidrolatos de canela y clavo inhibieron el crecimiento de 5 y 6 cepas a 25°C, respectivamente, y de 4 y 7 cepas a 6°C, respectivamente. Además, ambos inhibieron la formación de biofilms y tuvieron un efecto bactericida en el caso de algunas cepas. El hidrolato de orégano presentó el espectro de inhibición más amplio, inhibiendo el crecimiento de 9 cepas a ambas temperaturas, mostrando un efecto bactericida en 5 y 9 cepas a 25°C y 6°C, respectivamente. También inhibió la formación de biofilms en 7 y 9 cepas a 25°C y 6°C, respectivamente. Estos resultados sugieren que algunos de los hidrolatos podrían ser utilizados como bioconservantes eficaces para controlar la contaminación por *Pseudomonas* spp. en productos lácteos. Sin embargo, son necesarios estudios adicionales.

Palabras clave: *Pseudomonas*, alterantes, productos lácteos, antimicrobianos, subproductos agroalimentarios

Financiación: Proyectos PID2021-122145OR-C21 y PID2024-157325OR-C31



PS3-13

Más allá de los biofilms monoespecie: modelos polimicrobianos para el control con fagos en la industria láctea**Agún, S^{1*}, Álvarez, J¹, Martínez, B¹, García, P¹, Fernández, L¹**¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Oviedo, España

*seila.agun@ipla.csic.es

Resumen

Los biofilms formados sobre superficies en contacto con los alimentos representan uno de los principales reservorios de contaminación microbiana en la industria láctea, albergando tanto microorganismos patógenos como alterantes. Sin embargo, la mayoría de los estudios *in vitro* se basan en biofilms monoespecie crecidos en condiciones de laboratorio simplificadas, que no reflejan adecuadamente la complejidad de los entornos reales. Un modelo representativo de biofilm polimicrobiano en entornos lácteos debería incluir bacterias lácticas, microorganismos ambientales y alterantes, así como un patógeno relevante, reproduciendo la diversidad funcional de las comunidades microbianas asociadas a superficies.

En este trabajo se desarrolló un modelo reproducible de biofilm polimicrobiano, representativo de superficies de la industria láctea, para evaluar la eficacia de antimicrobianos basados en fagos. El modelo incluyó bacterias lácticas comúnmente asociadas a procesos lácteos (*Lactococcus lactis*, *Streptococcus thermophilus*, *Lactiplantibacillus plantarum*), microorganismos ambientales y alterantes (*Pseudomonas fragi*, *Pseudomonas fluorescens*, *Acinetobacter albensis*), así como el patógeno *Staphylococcus aureus* como organismo diana. Los biofilms se formaron sobre superficies de acero inoxidable utilizando leche pasteurizada diluida en PBS como medio de cultivo, bajo condiciones diseñadas para simular el ambiente de la industria láctea.

Con el objetivo de identificar biofilms estables y reproducibles se evaluaron diferentes combinaciones polimicrobianas. Las comunidades seleccionadas se establecieron con éxito sobre acero inoxidable sin producir coagulación de la leche y alcanzaron altas densidades celulares, observándose diferencias en el crecimiento en función de la composición de la comunidad. De manera destacada, el comportamiento de las especies individuales mostró diferencias entre biofilms mono y multiespecie, lo que pone de manifiesto el papel de las interacciones microbianas en el desarrollo del biofilm.

Por otra parte, se estudió el efecto de bacteriófagos líticos que infectan a *S. aureus* en biofilms mono y multiespecie. Este tratamiento dio lugar a una reducción del patógeno diana, aunque la magnitud de este efecto dependió de la composición total del biofilm. Las especies no susceptibles permanecieron estables tras el tratamiento, pero se observaron cambios en la estructura de la comunidad, lo que pone de manifiesto la complejidad de eliminar biofilms polimicrobianos mediante el control de especies individuales. Estos resultados apoyan el uso de modelos *in vitro* más complejos, que se aproximen mejor a las condiciones reales de la industria láctea, y proporcionan una base para la evaluación de estrategias basadas en fagos para el control de biofilms.

Palabras clave:Biofilms, industria láctea, BAL, *Staphylococcus aureus*, bacteriófagos**Financiación:**

Grant IDE/2024/000721 funded by AGENCIA SEKUENS (Gobierno de Asturias) and FEDER, EU



PS3-14

Control de *Pseudomonas* spp. alterantes en leche y queso fresco mediante el empleo de bacteriófagos

Sánchez, C, Calzada, J, Ávila, M*, Hernández-Gelabert, B, Espinosa, L, Garde, S

Grupo de Tecnología de Productos Lácteos y Cárnicos, Departamento de Tecnología de Alimentos, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Carretera de La Coruña Km 7, 28040 Madrid

*arribas@inia.csic.es

Resumen

El uso generalizado de la refrigeración a lo largo de la cadena láctea ha contribuido a mejorar la calidad de los productos lácteos al limitar el crecimiento de microorganismos patógenos y alterantes. Sin embargo, el almacenamiento prolongado en frío de la leche cruda favorece la proliferación de bacterias psicrótrofas, predominantemente del género *Pseudomonas*. Este género es el principal implicado en el deterioro de productos lácteos refrigerados, causando defectos de color, sabor y textura en leche y queso fresco. También se asocia con la contaminación post-pasteurización, debido a su capacidad para formar biofilms en los equipos de procesado. Las estrategias actuales para prevenir estos defectos reducen, pero no eliminan, la contaminación por *Pseudomonas*, lo que pone de manifiesto la necesidad de desarrollar nuevas soluciones. El uso de bacteriófagos podría representar una alternativa prometedora para inhibir el crecimiento de estas bacterias en productos lácteos refrigerados. El empleo de fagos líticos activos frente a *Pseudomonas* ofrece varias ventajas como su alta especificidad, bajo coste, origen natural y capacidad de replicación *in situ*. Todo ello contribuiría a mejorar la calidad, seguridad y vida útil de los productos lácteos sin comprometer sus características sensoriales.

En este trabajo se evaluó el efecto de los fagos FPs3 y FPs23 sobre el crecimiento de *Pseudomonas* sp. INIA Ps41, y del fago FPs21 sobre *Pseudomonas lundensis* INIA Ps52, a 6°C. Además, se estudió su impacto sobre el deterioro que estas cepas ocasionan durante el almacenamiento en leche y queso fresco. En leche, los tres fagos inhibieron el crecimiento de *Pseudomonas* a todas las MOIs ensayadas (0,1, 1, 10 y 100), registrándose recuentos por debajo del límite de detección a los 2 días. Sin embargo, a partir del día 5 se observó una recuperación progresiva de la población de pseudomonas. A pesar de ello, las leches tratadas con los fagos FPs3 y FPs23 mostraron un grado de proteolisis significativamente ($P < 0,001$) menor que sus respectivos controles inoculados solo con la cepa INIA Ps41 a los 7 y 13 días. En queso fresco, la aplicación de los fagos FPs3 y FPs23 previno la aparición de pigmentaciones durante los 28 días de almacenamiento, mientras que el queso inoculado solo con INIA Ps41 mostró el defecto de color a los 6 días. Por su parte, el fago FPs21 retrasó la aparición del defecto 7 días respecto al queso inoculado solo con INIA Ps52, que mostró el defecto a los 8 días.

Palabras clave: *Pseudomonas*, alterantes, leche, queso, bacteriófagos

Financiación: Proyecto PID2021-122145OR-C21



PS3-15

Análisis multinivel de la variabilidad en el crecimiento de los linajes I y II de *Listeria monocytogenes* bajo diferentes condiciones de pH

Jorge Baixauli^{1*}, Enriqueta García¹, Juan J. Quereda², Carla Palacios-Gorba², Alfredo Palop¹, Alberto Garre¹.

¹Departamento de Ingeniería Agronómica, ETSIA-Universidad Politécnica de Cartagena, Paseo Alfonso XIII, 48, 30203 Cartagena, Spain

²Departamento de Producción y Sanidad Animal, Salud Pública Veterinaria y Ciencia y Tecnología de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, CEU Universities. Valencia, Spain.

*Jorge.baixauli@upct.es

Resumen

Listeria monocytogenes es una de las principales preocupaciones de las industrias alimentarias, siendo el microorganismo patógeno causante de la listeriosis, una de las enfermedades alimentarias más graves, con altas tasas de hospitalización y mortalidad, especialmente en poblaciones vulnerables como ancianos, mujeres embarazadas y niños. Pese a las actualizaciones en la normativa referente a seguridad alimentaria y a los esfuerzos en control y vigilancia, el número de casos de listeriosis ha aumentado en Europa desde 2008 (Quereda et al., 2021).

Dentro de la especie *L. monocytogenes* se distinguen cuatro linajes diferentes, siendo los linajes I y II los más relevantes desde el punto de vista de la seguridad alimentaria. Sin embargo, los enfoques actuales de evaluación del riesgo suelen considerar la especie como un grupo homogéneo, sin tener en cuenta posibles diferencias fenotípicas entre linajes. Evidencias recientes sugieren que el linaje II es más frecuente en alimentos y entornos industriales, mientras que el linaje I es más prevalente en aislados clínicos, lo que apunta a posibles diferencias en su comportamiento biológico y relevancia en salud pública.

Este estudio evalúa la capacidad de crecimiento de ambos linajes bajo distintas condiciones de pH (5–7) a 37 °C. Para ello, se empleó un modelo multinivel que tiene en cuenta tres fuentes de variabilidad (entre linajes, dentro de un linaje y dentro de una cepa), así como la incertidumbre experimental. Los parámetros del modelo se estimaron a partir de tasas de crecimiento obtenidas mediante el método de dilución doble a partir de una colección de 43 cepas, equilibradas entre ambos linajes. Se construyeron modelos secundarios de tipo gamma tanto para la tasa de crecimiento específica como para cada uno de los niveles de variabilidad considerados. Las dinámicas de crecimiento se monitorizaron mediante un lector de placas, ajustando el pH del medio de cultivo.

Los resultados muestran que las condiciones ambientales influyen significativamente en la variabilidad en el crecimiento, incrementándose esta en condiciones próximas a los límites de crecimiento. Asimismo, se identifican diferencias claras entre los linajes I y II en términos de aptitud de crecimiento. De esta manera se destaca la importancia de considerar la heterogeneidad intraespecífica en la modelización predictiva de *L. monocytogenes*. Esta información resulta de gran relevancia para mejorar la precisión de los modelos de riesgo microbiológico en alimentos y constituye un avance hacia una evaluación del riesgo de listeriosis más realista y basada en la variabilidad biológica del patógeno.

Palabras clave: *Listeria monocytogenes*; Tasa de crecimiento; Linajes; Evaluación de riesgos.



PS3-16

Aplicación de ácido láctico para la descontaminación de canales de bovino: evaluación microbiológica en condiciones reales de matadero y efectos sobre el producto transformado

Olazaran, I.^{1*}, Olañeta-Jainaga, A.¹, García-Roldán A.¹, Lago, M.¹, Deba-Rementeria, S.¹

¹Food Technology Department, Leartiker S. Coop., Xemein Etorbidea 12, 48270 Markina-Xemein, Spain

*iolazaran@leartiker.com

Resumen

La aplicación de ácidos orgánicos constituye una estrategia autorizada para la descontaminación de canales cárnicas, aunque su eficacia y reproducibilidad en condiciones industriales reales continúan siendo objeto de estudio. En este trabajo se evalúa la aplicación de ácido láctico sobre canales de bovino en un matadero comercial, integrando el tratamiento en el procesado habitual y comparando distintos sistemas de aplicación. Canales control y tratadas fueron sometidas a aplicación de ácido láctico mediante pulverización tipo spray o nebulización, analizándose la carga microbiológica superficial mediante recuento de aerobios mesófilos y enterobacterias en T0, T24 y T48. De forma complementaria, se evaluó el impacto del tratamiento sobre la estabilidad microbiológica del producto transformado, *steak haché*, durante su vida útil, envasado al vacío y en atmósfera modificada.

La aplicación mediante spray mostró reducciones consistentes de la carga microbiana superficial, alcanzándose disminuciones de hasta aproximadamente 1,5–2,0 unidades logarítmicas en aerobios mesófilos y de 1,0–1,5 log en enterobacterias a las 24 horas respecto al control. La nebulización produjo reducciones más moderadas, con descensos típicos de 0,5–1,0 log en aerobios mesófilos y de hasta 0,5–1,0 log en enterobacterias, presentando una mayor variabilidad entre ciclos. En ambos sistemas, las enterobacterias se mostraron más sensibles al tratamiento que la flora aerobia total, alcanzándose en numerosos casos recuentos no detectables tras 24 horas. El efecto de descontaminación fue más acusado a corto plazo, observándose en algunos ciclos una ligera recuperación de la carga microbiana tras 48 horas de almacenamiento temprano de la canal. El tratamiento aplicado a las canales no tuvo un impacto negativo sobre la evolución microbiológica del producto transformado durante su vida útil, tanto en condiciones de envasado al vacío como en atmósfera modificada.

En conjunto, los resultados confirman el potencial del ácido láctico como estrategia eficaz de descontaminación de canales en condiciones reales de matadero, si bien evidencian que su desempeño está condicionado por factores operativos propios del entorno industrial. Futuros trabajos deberán centrarse en la optimización de los parámetros de aplicación y en estrategias de control del proceso que permitan reducir la variabilidad y asegurar una eficacia microbiológica robusta y reproducible.

Palabras clave: higiene de procesos, microbiología cárnica, validación industrial

Financiación: Berriker 2024, Gobierno Vasco – Eusko Jaurlaritza



PS3-17

Desarrollo de nuevos sistemas antimicrobianos de origen natural para prolongar la vida comercial de aceitunas de mesa bajas en sal

Gil-Flores, P, Penco-Parra, D, Bautista-Gallego, J*

Departamento de Ciencias Biomédicas (Área de Microbiología), Facultad de Ciencias, Universidad de Extremadura, 06006 Badajoz, Spain

*joaquinbg@unex.es

Resumen

El proyecto OLIVEPACK tiene como objetivo el desarrollo de una metodología innovadora para su utilización durante el envasado de aceitunas de mesa. Este sistema busca garantizar las condiciones de seguridad microbiológica en condiciones de menor uso de cloruro sódico y libres de conservantes químicos, logrando además prolongar su vida de mercado. Para ello, se integran materiales sostenibles y compuestos bioactivos naturales en insertos funcionales, diseñados para la liberación gradual de agentes antimicrobianos naturales durante el periodo de envasado.

Para ello, entre todos los compuestos que se evaluaron, se seleccionó el hidroxitirosol por sus mejores resultados. Este compuesto fenólico bioactivo, que se obtiene de las aguas residuales de la industria de aderezo, fue elegido por su potente actividad antimicrobiana, su origen natural y su aptitud para aplicaciones en contacto directo con alimentos. Asimismo, se diseñaron nanotubos de halloysita como sistemas de transporte debido a su morfología tubular característica, su elevada superficie específica y su capacidad intrínseca para encapsular y liberar de forma sostenida los principios activos. Con el fin de optimizar la interacción con el hidroxitirosol y modular su perfil de liberación, se aplicaron dos estrategias de funcionalización superficial: recubrimientos de polidopamina y de quitosano. Estas modificaciones se diseñaron para incrementar la capacidad de carga y permitir una liberación controlada, asegurando una actividad antimicrobiana persistente en el tiempo.

Posteriormente, esta nueva metodología fue evaluada para caracterizar su eficacia antimicrobiana frente a bacterias alterantes y/o patógenas en envasados de aceitunas. Además, se han modelizado todos los resultados en función de sus perfiles de inhibición microbiana para profundizar en la comprensión del efecto antimicrobiano de cada variante del diseño. Los hallazgos obtenidos servirán de base para optimizar las propiedades de estas espumas y mejorar su desempeño global. A pesar de los retos técnicos detectados, los resultados obtenidos son prometedores y han permitido optimizar tanto la eficacia antimicrobiana como la estabilidad de las espumas en cada serie analizada. No obstante, aún es necesario llevar a cabo mejoras adicionales para optimizar la difusión y su efecto antimicrobiano.

Palabras clave: aceitunas de mesa, envasado, hidroxitirosol, espumas bionanocompuestas

Financiación: Proyecto PCI2024-153484 financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033/ y Cofinanciado por la Unión Europea. Patricia Gil-Flores y David Penco-Parra y agradecen sus contratos de investigación PCI IN000609 y IN000616 y financiados por MICIU y FEDER, respectivamente.



PS3-18

Inactivación térmica de esporas en sistemas emulsionados para análogos cárnicos: implicaciones cinéticas

García-Álvarez de Toledo, I¹, Jofré, A¹, Martín, B¹ Serra, X², Bover-Cid, S^{1*}

¹Programa de funcionalidad y seguridad alimentarias, IRTA, Finca Camps i Armet, 17121 Monells; ²Programa de calidad y tecnología alimentarias, IRTA, Finca Camps i Armet, 17121 Monells

*sara.bovercid@irta.cat

Resumen

La predicción de la resistencia térmica de esporas en matrices alimentarias viscosas, de base vegetal, sigue siendo limitada debido a la escasez de datos sobre el comportamiento de inactivación directamente en matrices no líquidas, especialmente cuando estas presentan contenidos grasos moderados, lo que dificulta la predicción de su respuesta en condiciones industriales. El objetivo de este estudio fue caracterizar la cinética de inactivación de esporas de *Bacillus cereus* en una matriz base orientada al diseño de formulaciones emulsionadas para la elaboración de análogos cárnicos. La matriz inoculada se introdujo en crisoles de *Differential Scanning Calorimetry* (DSC) de 100 μ L. El tratamiento térmico se llevó a cabo sumergiendo los crisoles en un baño de aceite a cuatro temperaturas: 90, 100, 110 y 120 °C. Los parámetros cinéticos se estimaron mediante un enfoque de ajuste de modelos en dos pasos, utilizando los modelos primarios Log-lineal (estimando log D), Log-lineal con hombro (log D y SI) y Weibull (δ y p). Los modelos secundarios incluyeron el clásico de Bigelow (para la estimación del parámetro z) y polinomios de primer orden para describir la dependencia térmica de SI, δ y p, mediante reparametrizaciones logarítmicas y transformaciones de raíz cuadrada e inversas. En las primeras etapas de las curvas de inactivación se presentó una fracción de la población con menor susceptibilidad térmica, por lo que se descartó el modelo Log-lineal general al no capturar los parámetros clave de resistencia inicial. En el modelo de Weibull, la extrapolación lineal del parámetro $1/\delta$ hacia el intervalo de temperaturas próximas a 90 °C reveló las limitaciones del modelo para describir la cinética en el dominio evaluado. Finalmente, el modelo Log-lineal con hombro fue seleccionado como el modelo primario más adecuado. El tiempo de reducción decimal (D) mostró una relación log-lineal clásica del modelo secundario de Bigelow, con un RMSE de 0,232 y un R^2 ajustado de 0,945, así como una buena correlación lineal de log SI a lo largo del intervalo de temperaturas estudiado (RMSE = 0,232, R^2 ajustado = 0,888). En conjunto, este trabajo aporta datos cinéticos sobre la inactivación de esporas de *B. cereus* en matrices de proteína alternativa, que pueden emplearse tanto para la comparación con otros microorganismos como para mejorar estudios de evaluación de riesgo y apoyar el diseño de procesos térmicos más seguros, basados en evidencia científica, para el desarrollo de análogos cárnicos.

Palabras clave: *Bacillus cereus*, microbiología predictiva, análogos cárnicos, tratamientos térmicos

Financiación: Este trabajo de investigación es parte del proyecto de I+D+i PID2022-1370090OR-I00, financiado por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER/UE. Ayuda PREP2022-000490 (Ignacio García-Álvarez de Toledo) financiada por MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por el FSE+.



PS3-19

Linking PEF-induced membrane permeabilization to loss of infectivity of *Cryptosporidium* oocysts in cell culture**Martínez, J¹, Garza-Moreno, L², Quílez, J², Raso, J¹, Álvarez-Lanzarote I^{1*}**

¹Departamento de Producción Animal y Ciencia de Los Alimentos, Tecnología de Los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Universidad de Zaragoza, 50009 Zaragoza, Spain;

²Departamento de Patología Animal, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Universidad de Zaragoza, 50009 Zaragoza, Spain.

*ialvalan@unizar.es

Summary

Cryptosporidium spp. oocysts are highly resistant to conventional disinfection treatments and represent a relevant safety concern in water and minimally processed beverages, particularly fruit and vegetable juices. This study evaluated the potential of Pulsed Electric Field (PEF) technology to compromise the viability and infectivity of *Cryptosporidium* oocysts in aqueous suspension, apple juice, and carrot juice. Oocysts were exposed to monopolar square-wave pulses of 3 μ s at electric field strengths ranging from 15 to 35 kV/cm, treatment times up to 180 μ s, and treatment temperatures between 25 and 60 °C. Membrane permeabilization was initially evaluated by propidium iodide uptake using fluorescence microscopy and flow cytometry. To determine whether this loss of membrane integrity translated into reduced infectivity, selected PEF-treated oocysts were inoculated onto confluent HCT-8 intestinal epithelial cell monolayers, and subsequent intracellular parasite development was quantified after incubation by immunofluorescence and/or qPCR as an indicator of residual infective capacity.

PEF-induced oocyst permeabilization increased with electric field strength, treatment time, and application temperature. Electric field strength was the main factor governing treatment efficacy, with clear threshold behaviour: limited permeabilization was observed below 25 kV/cm, whereas treatments at 35 kV/cm and 180 μ s resulted in close to 90% oocyst permeabilization at room temperature. Moderate temperatures alone had negligible effects below 60 °C, but markedly enhanced PEF efficacy. In particular, applying PEF at 25 kV/cm and 90 μ s at 45 °C achieved approximately 90% permeabilization, demonstrating a strong synergistic effect between mild heating and electroporation. Matrix composition also influenced treatment performance.

Cell culture infectivity assays confirmed that PEF-induced membrane permeabilization was associated with a substantial reduction in the capacity of oocysts to infect host cells, supporting the biological relevance of the fluorescence-based viability indicators. Overall, these results demonstrate that thermally assisted PEF could be a promising non-thermal strategy to reduce *Cryptosporidium* oocyst infectivity in beverages, offering a continuous-flow-compatible and potentially scalable alternative to improve the microbiological safety of fresh-like juices while minimizing quality degradation.

Palabras clave: *Cryptosporidium*; pulsed electric fields; oocyst permeabilization; cell culture infectivity; minimally processed juices

Financiación: This research has been funded by the Dirección General de Ciencia e Investigación and by the Fondo Social Europeo del Gobierno de Aragón (ZeroPARASITOS PROY_A16_24, A03_23R).



PS3-20

Fagoteca One Health-CSIC

García, P^{1*}, Navarro, E², Ortego, J³, Sevilla, N³, Fernández, M¹, Fraga, MF⁴

¹IPLA (Asturias); ²IPE (Aragón); ³CISA (Madrid); ⁴CINN (Asturias)

*pgarcia@ipla.csic.es

Resumen

Los bacteriófagos, o fagos, son virus que actúan como depredadores naturales de las bacterias. Se caracterizan por su alta especificidad, su capacidad para infectar cepas resistentes a antibióticos y su enorme diversidad ecológica, lo que los convierte en herramientas prometedoras contra patógenos bacterianos. Su abundancia en la naturaleza facilita la creación de amplios repositorios que permiten diseñar soluciones dirigidas a bacterias concretas.

La Fagoteca One Health (FGOH) es una iniciativa destinada a conservar, organizar y distribuir bacteriófagos de alto valor para la comunidad científica. Su objetivo es promover el estudio y uso de fagos como agentes antimicrobianos en ámbitos como la medicina humana, la salud animal, la agricultura, la seguridad alimentaria y el medio ambiente, siguiendo el enfoque Una Salud, que integra la salud humana, animal y ambiental.

La FGOH funciona como un servicio multicéntrico del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), accesible a personal investigador y a profesionales de instituciones públicas y privadas, tanto nacionales como internacionales. Sus actividades abarcan desde la investigación básica hasta aplicaciones comerciales. La estructura se organiza en cuatro nodos especializados: Salud Humana y Nutrición (Asturias), Salud Ambiental (Aragón), Salud Animal (Madrid) y Bioinformática y Análisis Computacional (Asturias), lo que favorece la colaboración interdisciplinaria y el acceso a conocimientos especializados.

La iniciativa también impulsa la valorización y visibilidad de las colecciones biológicas del CSIC, fomentando el intercambio científico y facilitando el uso de recursos microbianos en investigación e industria. Actualmente, ofrece más de 22 servicios especializados, entre ellos el almacenamiento y suministro de fagos y bacterias huésped, aislamiento y caracterización fenotípica y molecular, determinación del rango de huésped, secuenciación y análisis genómico, así como protocolos estandarizados para su uso. Además, proporciona asesoramiento en el desarrollo de productos basados en fagos y optimización de metodologías.

Un aspecto clave es la incorporación de herramientas de inteligencia artificial para el análisis de datos genómicos, lo que permite acelerar el descubrimiento de propiedades funcionales y mejorar la predicción de interacciones entre fagos y bacterias. Gracias a su enfoque integrador, la FGOH desempeña un papel estratégico en el avance de la fagoterapia, el biocontrol y el desarrollo de alternativas sostenibles a los antibióticos.

Palabras clave: bacteriófagos, antimicrobianos, One Health

Financiación: FAGOTECA ONE HEALTH (FAGO_1HEALTH)". Referencia 202470E016. Proyecto Intramural PIE. Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades.



PS3-21

Establecimiento de la seguridad alimentaria en relación a la presencia de microorganismos patógenos mediante uv-c en alimentos líquidos

Gaviria, A.C.², Esnoz, A.¹, Garre, A.¹, Periago, P.M.¹, Moreno, F.L.², Fernández, P.S.^{1*}

¹Departamento de Ingeniería Agronómica, ETSI Agronómica, Universidad Politécnica de Cartagena (España);

²Departamento de Procesos Químicos y Biotecnológicos, Facultad de Ingeniería, Universidad de La Sabana (Colombia).

*pablo.fernandez@upct.es

Resumen

El desarrollo de nuevos alimentos exige contar con herramientas que permitan garantizar su seguridad alimentaria. El uso de tecnologías de conservación no térmicas supone una excelente alternativa al procesamiento tradicional, pudiendo dar lugar a novedades de presentación atractivas para el consumidor. El procesamiento por UV-C presenta una elevada capacidad de inactivación de microorganismos, si bien su efectividad en productos líquidos ha sido poco estudiada.

Por ello se ha planteado el estudio del efecto de esta tecnología sobre la inactivación de microorganismos patógenos (*Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes*) en un sustrato líquido que simula la composición de un producto bebible, como por ejemplo zumos. Se ha llevado a cabo un estudio con distintas condiciones de procesamiento (diferentes velocidades de flujo) para optimizar las condiciones de tratamiento. En base a los resultados obtenidos, la aplicación de tratamiento por UV-C permite la inactivación de microorganismos patógenos alimentarios, permitiendo garantizar su Seguridad. No obstante, resulta más efectivo inactivando microorganismos Gram – que Gram +. Es necesario optimizar las condiciones que permitan inactivar los microorganismos de referencia en función de cada producto o grupo de productos. Esta tecnología puede suponer una excelente alternativa a las técnicas tradicionales para el procesamiento de alimentos líquidos.

Palabras clave: Microbiología de alimentos, Seguridad alimentaria, UV-C, Seguridad microbiológica

Financiación: Este proyecto ha sido financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación, Generación de Conocimiento 2024, referencia PID2024-160335OA-I00 y por el Programa HORIZON EUROPE, HORIZON-MSCA-2023-SE-01, Project nr. 101182843 — SEQR FOOD.



PÓSTERS SESIÓN 4





PS4-01

Efecto del Hidroxitirosol sobre la microbiota intestinal en un modelo murino de isquemia cerebral

Magdalena Martínez Cañamero^{1*}, Ángela García-Moreno², M^a del Mar Muñoz-Gallardo², Raquel Hernández², Santos Blanco², Esther Martínez-Lara², Eva Siles²

¹Dpto. de Ciencias de la Salud, Campus las Lagunillas s/n, Universidad de Jaén, 23071 Jaén

²Dpto. de Biología Experimental, Campus las Lagunillas s/n, Universidad de Jaén, 23071 Jaén

*canamero@ujaen.es

Resumen

El hidroxitirosol (HT) es uno de los polifenoles más estudiados del aceite de oliva virgen extra, con un efecto antioxidante y antiinflamatorio que ha mostrado su eficacia en múltiples problemas de salud asociados al estrés oxidativo y la inflamación. En este sentido, resultados previos del equipo de investigación (doi: 10.3390/nu11102430; doi: 10.3390/ijms25094799) han demostrado que el HT modula la respuesta a la hipoxia y puede servir como un enfoque terapéutico beneficioso para atenuar el daño asociado al accidente cerebrovascular isquémico. En paralelo, hemos establecido su efecto *in vitro* sobre el crecimiento de cepas intestinales (doi: 10.3389/fnut.2023.1272139) e *in vivo* sobre la microbiota intestinal murina (doi: 10.3390/molecules28052265). Como consecuencia y con objeto de conocer más a fondo la influencia de este compuesto tras un episodio cerebrovascular, se ha llevado a cabo un estudio con animales de experimentación que se han sometido a un modelo de ictus por oclusión transitoria de la arteria cerebral media (tMCAO) y a los que se les ha evaluado la microbiota intestinal tras ser alimentados con y sin un suplemento de hidroxitirosol. Así, tras 24 h de perfusión, los animales se alimentaron durante 35 días con una dieta enriquecida (0.03%, n=7) o no (n=5) con HT, recogiendo muestras de heces a este tiempo final para un análisis de microbiota. Previamente se ha comunicado en este mismo foro el efecto en la biodiversidad intestinal observada. En esta ocasión se presentan los resultados obtenidos tras llevar a cabo secuenciación masiva del gen 16S del metagenoma fecal. La comparación a nivel taxonómico de género de los OTUs detectados en ambos grupos mediante un test de Kruskal Wallis dio como resultado diferencias estadísticamente significativas en un grupo no descrito perteneciente a la familia *Muribaculaceae*, que engloba alrededor de un 20% de las secuencias intestinales detectadas, siendo este número significativamente mayor en el grupo alimentado con el polifenol. Esto conlleva connotaciones importantes ya que esta familia, productora de ácidos grasos de cadena corta en la mucosa intestinal, disminuye significativamente después de un ictus y está relacionada con los efectos beneficiosos de dietas basadas en plantas sobre distintas enfermedades inflamatorias.

Palabras clave: accidente cerebrovascular isquémico, hidroxitirosol, *Muribaculaceae*, microbiota intestinal

Financiación: FEDER 2014-2020 -1380831 y Consejería de Economía y Conocimiento, Junta de Andalucía



PS4-02

Influencia del genotipo secretor materno-infantil sobre la leche materna y el microbioma intestinal neonatal

Hick, E^{1*}, Rey, A¹, Samarra, A², Suárez, M³, Mantecón, L³, Solís, G³, Collado, M², Arboleja, S¹, Gueimonde, M¹

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA - CSIC); ²Instituto de Agroquímica y Tecnología de Alimentos (IATA-CSIC); ³Hospital Universitario Central de Asturias (HUCA-SESPA). *emilia.hick@ipla.csic.es

Resumen

Introducción. El fenotipo secretor materno, condicionado por el gen *FUT2* (fucosiltransferasa 2), determina la composición de los oligosacáridos de la leche humana (OLH). En mujeres secretoras se observa una mayor síntesis de 2'-fucosilactosa (2'-FL), mientras que en las no secretoras predomina la 3'-fucosilactosa (3'-FL). Estos OLH influyen en la composición de la microbiota intestinal del lactante, favoreciendo el predominio de bifidobacterias. Estudios previos de nuestro grupo han demostrado que el 70 % de las microbiotas neonatales son capaces de metabolizar 2'-FL, mientras que solo el 40 % utiliza 3'-FL, lo que se asocia con su diversidad y composición microbiana. Sin embargo, aún no se ha dilucidado si el genotipo secretor también influye en la configuración de su microbioma temprano.

Objetivo. Determinar el estado secretor en díadas madre-lactante y evaluar su asociación con la composición de la leche materna y de la microbiota intestinal neonatal.

Métodos. Se reclutaron 34 pares madre-lactante (1-2 meses de edad). El gen *FUT2* se analizó a partir de muestras de mucosa oral mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) con cebadores específicos, seguida de un análisis de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLP). Los OLH en leche materna se cuantificaron mediante espectrometría de masas de alta resolución (Q-TOF). La microbiota fecal neonatal se caracterizó mediante la secuenciación parcial del gen del ARN ribosómico 16S, y los ácidos grasos de cadena corta (AGCC) se determinaron por cromatografía de gases.

Resultados. El 25 % de las madres y el 18 % de los lactantes fueron clasificados como no secretores. La leche de mujeres secretoras mostró concentraciones elevadas de 2'-FL, siendo mayores en secretoras homocigotas (2,65 g/L) que en heterocigotas (1,24 g/L). En contraste, las madres no secretoras presentaron niveles no detectables de este oligosacárido y un predominio de 3'-FL (1,32 g/L). Se identificaron diferencias en la diversidad y composición de la microbiota intestinal neonatal asociadas tanto al genotipo materno como al infantil, observándose una mayor abundancia de bifidobacterias en relación con el genotipo secretor. En cuanto a las concentraciones de AGCC, no se detectaron diferencias estadísticamente significativas en función del estado secretor materno o infantil.

Conclusiones. Estos hallazgos sugieren que el genotipo secretor del lactante, junto con el materno, contribuye a modular la composición de la microbiota intestinal en etapas tempranas de la vida, especialmente en términos de diversidad y abundancia de bifidobacterias, taxón especialmente importante en este período. Se requieren estudios adicionales para esclarecer si estas diferencias se asocian con variaciones en la capacidad metabólica de la microbiota neonatal para utilizar los oligosacáridos de la leche humana.

Palabras clave: genotipo secretor, oligosacáridos de la leche materna, microbiota intestinal neonatal

Financiación: Proyecto PID2021-125337OB-I00, financiado por la AEI/MICINN, y Proyecto IDE/2024/000740, financiado por SEKUENS/Principado de Asturias y Fondos Feder



PS4-03

Desarrollo de quesos funcionales con extracto de Açai y bifidobacterias

Rodríguez-Mínguez, E¹, Calzada, J¹, Álvarez, I², Sánchez, C¹,Vázquez, M¹, Ávila, M¹, Garde, S¹, Picon, A^{1*}¹Departamento de Tecnología de Alimentos, INIA, CSIC, Carretera de La Coruña Km 7, 28040, Madrid;²Unidad de Servicio de Técnicas Analíticas, ICTAN, CSIC, Calle José Antonio Novais 6, 28040 Madrid

*apicon@inia.csic.es

Resumen

Aunque el consumo de productos lácteos fermentados se asocia con mejoras de la salud, es posible desarrollar productos lácteos funcionales añadiendo extractos ricos en polifenoles y/o bacterias probióticas.

Los frutos de la palmera *Euterpe oleracea* Martiana, conocida como açai, son muy ricos en polifenoles, y presentan una elevada capacidad anti-oxidante. Sin embargo, los beneficios para la salud relacionados con el consumo de polifenoles dependen de su transformación por la microbiota intestinal, y este proceso presenta una elevada variabilidad entre individuos, que probablemente es debida a diferencias en la composición de dicha microbiota.

Muchas cepas de bifidobacterias son capaces de aumentar la biodisponibilidad de los polifenoles, incrementando así su efecto beneficioso, y podrían incorporarse a alimentos como estrategia para favorecer dichos efectos de forma menos dependiente de la microbiota intestinal.

Los objetivos de este trabajo fueron: 1) Estudiar los efectos de un extracto de açai sobre cuatro cepas de bifidobacterias de origen humano pertenecientes a la colección de microorganismos beneficiosos del Departamento de Tecnología de Alimentos del INIA (CSIC) y la cepa comercial *Bifidobacterium longum* BB536, y 2) Desarrollar un queso funcional con extracto de açai y una cepa de *Bifidobacterium* con potencial tecnológico y probiótico, y evaluar el efecto sobre la calidad y la actividad antioxidante.

El extracto de açai estimuló el crecimiento y la capacidad antioxidante de todas las cepas estudiadas. *B. pseudolongum* INIA P2 fue considerada la más adecuada para desarrollar este queso funcional. A continuación, se elaboraron quesos de leche de oveja experimentales a los que se añadieron: 1) el extracto de açai, 2) la cepa INIA P2 como cultivo adjunto, o 3) ambos; y 4) queso control.

No observamos diferencias significativas ($P > 0,01$) en los niveles de microorganismos aerobios totales entre quesos experimentales y control, al inicio y al final de la maduración, pero sí a los 14 días, con niveles significativamente ($P < 0,01$) más elevados en quesos con extracto de açai e INIA P2.

La adición del extracto de açai a la cuajada produjo efectos significativos ($P < 0,01$) como: una disminución del pH del queso al final de la maduración; aumentos de proteólisis, polifenoles totales y capacidad antioxidante. Además, se observaron cambios en el color, en los niveles de ácidos orgánicos y en el perfil de compuestos volátiles. Los niveles más elevados de algunos de estos compuestos sugieren un metabolismo microbiano más activo durante la maduración.

Palabras clave: Polifenoles de açai, *Bifidobacterium*, queso funcional, capacidad antioxidante, perfil volátil

Financiación: Proyectos RTI2018-099271-R-I00 (MCIU) y PIE 202470E190 (CSIC)



PS4-04

Aislamiento y caracterización de cepas de *Lactococcus lactis* productoras de GABA: aplicación como cultivos adjuntos en yogures funcionales

Lorenzo, Raquel¹, Bauer, Corina¹, Vlad, Anghel¹, Redruello, Begoña^{1,2}, del Rio, Beatriz^{1,2*} y Alvarez, Miguel A^{1,2*}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Oviedo, Asturias, España

²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo, Asturias, España

*beadelrio@ipla.csic.es; maag@ipla.csic.es

Resumen

El ácido γ -aminobutírico (GABA) es un metabolito bioactivo que ejerce efectos beneficiosos sobre la salud mental, contribuyendo a la reducción del estrés y la ansiedad. Los productos lácteos constituyen una fuente potencial de bacterias lácticas productoras de GABA, entre las que destaca *Lactococcus lactis* por su historial de seguridad y sus propiedades tecnológicas en la industria láctea. Esto lo convierte en un candidato especialmente atractivo para el desarrollo de alimentos lácteos fermentados enriquecidos en GABA. En *L. lactis*, la biosíntesis de GABA se produce mediante la ruta de la glutamato descarboxilasa (GAD), por la que el glutamato se descarboxila a GABA por acción de la glutamato descarboxilasa.

El objetivo de este trabajo fue aislar y caracterizar cepas de *L. lactis* productoras de GABA a partir de muestras comerciales de quesos, evaluar su seguridad alimentaria y estudiar su potencial como cultivos adjuntos para la elaboración de yogures funcionales enriquecidos en GABA.

Se analizaron 9 muestras de quesos españoles de distintas variedades. El cribado inicial se realizó mediante un ensayo rápido con células en reposo en presencia de glutamato monosódico y piridoxal 5-fosfato, detectándose la producción de GABA mediante el cambio de color del indicador de pH. La producción de GABA se confirmó posteriormente mediante análisis UHPLC (Ultra High Pressure Liquid Chromatography) de sobrenadantes de cultivos crecidos en medio suplementado con glutamato. Mediante este ensayo, se obtuvieron 20 aislados productores de GABA. Mediante secuenciación del gen 16S rRNA se determinó que 7 pertenecían a la especie *Lactococcus lactis*, 10 al género *Enterococcus* y 1 cepa de cada uno de estos géneros: *Enterobacter*, *Klebsiella* y *Burkholderia*. Las cepas de *L. lactis* fueron seleccionadas para estudios posteriores. La evaluación de la seguridad alimentaria de estas cepas confirmó que todas eran seguras para el consumo ya que mostraron valores de concentración mínima inhibitoria (MIC) inferiores a los puntos de corte establecidos por la EFSA para los antibióticos recomendados específicamente para esta especie.

Con el objetivo de obtener yogures enriquecidos en GABA, se emplearon las cepas *Streptococcus thermophilus* LMD9 y *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* Ab1 (cultivos iniciadores, no productoras de GABA) y las cepas de *L. lactis* productoras de GABA seleccionadas (cultivos adjuntos).

Los resultados confirman que los quesos son un reservorio valioso de cepas de *L. lactis* productoras de GABA, seguras para el consumo y aptas como cultivos adjuntos para la producción de yogures funcionales enriquecidos. Estos yogures podrían contribuir de manera efectiva a la mejora del bienestar y la regulación del estrés, apoyando estrategias nutricionales orientadas a la salud mental.

Palabras clave: Compuestos neuroactivos; bacterias lácticas; yogures funcionales

Financiación: MICIU/AEI/10.13039/ 501100011033 (PID2024-155760OB-100); PCTI/FEDER (IDE/2024/000736)



PS4-05

Caracterización del *cluster* GAD de *Lactococcus lactis* LEY6: un módulo cromosómico completo y transferible para la biosíntesis de GABA

Bauer, Corina^{1,2}, Sampedro, Lorena¹, Casado, Angel^{1,2}, Redruello, Begoña^{1,2}, Alvarez^{1,2}, Miguel A. *,
del Rio, Beatriz^{1,2*}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Oviedo, Asturias, España; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo, Asturias, España

*beadelrio@ipla.csic.es; maag@ipla.csic.es

Resumen

El ácido γ -aminobutírico (GABA) es un compuesto neuroactivo con efectos beneficiosos sobre la salud mental que se sintetiza por descarboxilación del glutamato. En la industria de alimentos fermentados, ha aumentado el interés por el uso de microorganismos productores de GABA para obtener alimentos funcionales enriquecidos con este compuesto. En este contexto, los lactococos productores de GABA constituyen una estrategia prometedora como cultivos iniciadores. En *Lactococcus lactis* LEY6 (en adelante LEY6), una cepa aislada de leche de camella, la biosíntesis de GABA se asocia al *cluster* GAD, compuesto por los genes *gadR*, *gadC* y *gadB*, organizados de forma similar a otras cepas de lactococos. Sin embargo, hasta el momento no se había comprobado su localización genómica (cromosómica o plasmídica), su funcionalidad ni su regulación genética.

Para determinar la localización del *cluster* GAD, se llevó a cabo la curación plasmídica de la cepa original, obteniéndose una cepa derivada libre de plásmidos (LEY6 p⁻). El análisis genómico de esta cepa confirmó la ausencia de plásmidos y la localización cromosómica del *cluster* GAD, ya que conservó la capacidad de producir GABA e incluso produjo niveles superiores a los de la cepa parental. No obstante, la pérdida de los plásmidos afectó negativamente a propiedades tecnológicas clave para su aplicación como cultivo iniciador en productos lácteos fermentados, incluyendo la utilización de lactosa, la acidificación de la leche, la actividad proteolítica y la capacidad de coagulación.

A partir de la cepa curada, se construyó un mutante de delección del *cluster* GAD (LEY6 p⁻ GAD⁻), cuya capacidad de sintetizar GABA quedó completamente abolida. La complementación genética mediante un plásmido multicopia portador del *cluster* GAD completo de LEY6 restauró la producción de GABA. Además, la expresión heteróloga del gen *gadB* en *Escherichia coli* confirmó que codificaba una glutamato descarboxilasa. El análisis transcripcional del *cluster* GAD reveló que *gadR* se transcribe como un ARNm monocistrónico, mientras que *gadC* y *gadB* constituyen un operón bicistrónico. Finalmente, la expresión heteróloga del *cluster* GAD en *Lactococcus cremoris* NZ9000, una cepa no productora de GABA, permitió la síntesis del compuesto, demostrando la autonomía funcional y la transferibilidad del *cluster*.

En conjunto, estos resultados confirman que el *cluster* GAD es el responsable de la biosíntesis de GABA en LEY6. Además, posicionan al *cluster* GAD de LEY6 como un módulo genético completo y transferible con alto potencial biotecnológico para el desarrollo de cultivos iniciadores destinados a la producción de alimentos fermentados enriquecidos en GABA.

Palabras clave: Compuestos neuroactivos; bacterias lácticas; ingeniería metabólica

Financiación: MICIU/AEI/10.13039/ 501100011033 (PID2024-155760OB-100); PCTI/FEDER (IDE/2024/000736); Interreg Atlantic Area (ResilCrops)



PS4-06

Evaluación del potencial de *Enterococcus durans* para la elaboración de alimentos funcionales enriquecidos en β -feniletilamina.

Angel Casado¹, Miguel A. Alvarez¹ y Victor Ladero^{1*}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC). C/ Francisco Pintado Fé, 26. 33011. Oviedo. Asturias.
*ladero@ipla.csic.es

Resumen

La β -feniletilamina (PEA) es una amina traza neuro-activa, originada por la descarboxilación de la fenilalanina. Se trata de un compuesto neuro-activo implicado en la neurotransmisión y se asocia con mejoras en el estado de ánimo y la atención, lo que ha impulsado su uso como suplemento nutricional y su estudio como alternativa en el tratamiento de la depresión.

Dado el creciente interés de la industria alimentaria en el desarrollo de alimentos funcionales, el desarrollo de alimentos enriquecidos en PEA se presenta como opción interesante que por el momento no ha sido explorada. De forma natural, el contenido de PEA en los alimentos es muy bajo, a pesar de que algunos de ellos, como el queso, representan una matriz muy adecuada para su acumulación. Una estrategia, con buena aceptación por parte de los consumidores, para incrementar de forma natural su contenido consistiría en utilizar bacterias productoras de PEA en el proceso de elaboración de productos lácteos fermentados. Con este fin, se aislaron a partir de queso varias cepas pertenecientes a los géneros *Lactobacillus* y *Enterococcus* capaces de producir PEA.

Considerando su potencial tecnológico y su capacidad para producir altas concentraciones de PEA, los aislados identificados como *Enterococcus durans* fueron seleccionados para llevar a cabo una caracterización tecnológica completa. Este análisis permitió identificar cepas tecnológicamente interesantes entre las que destacó la cepa *E. durans* IPLA15015, la cual fue seleccionada para analizar su genoma y estudiar el efecto de diferentes factores tecnológicos sobre su capacidad para sintetizar PEA. Además, se demostró que en esta especie la producción de PEA es llevada a cabo por la acción de la enzima tirosina descarboxilasa (TDC), lo que conlleva la producción concomitante de tiramina (TMA), una amina biógena con potencial tóxico. La producción de PEA por parte de la cepa *E. durans* IPLA15015 se vio favorecida por temperaturas moderadas, una baja disponibilidad de oxígeno y ambientes de pH neutro o ligeramente ácido, mientras que concentraciones elevadas de sal o azúcar ejercieron un efecto inhibitorio. Esto permitió identificar la leche fermentada y el queso como los productos más adecuados para utilizar la cepa, logrando en elaboraciones experimentales acumular concentraciones de PEA entre las más altas descritas en la literatura. De esta manera, la utilización de la cepa para la elaboración de productos lácteos fermentados constituye una estrategia interesante y eficaz para obtener alimentos funcionales enriquecidos de forma natural con PEA, lo que abre nuevas vías para el desarrollo de productos con potenciales beneficios para la salud.

Palabras clave: β -feniletilamina, *Enterococcus durans*, alimentos funcionales, compuestos neuro-activos

Financiación: Este Trabajo ha sido financiado por la AEI y FEDER (Ref: PID2024-155760OB-I00), así como por la agencia Sekuens del Principado de Asturias (Ref: IDE/2024/000736).



PS4-07

Supervivencia gastrointestinal de microorganismos probióticos en productos lacto-fermentados de origen vegetal

González-García, P.^{1*}, Martín-Diana A.B.^{1*†}, Jiménez-Pulido, I.J.¹, Ordás, E.¹, García-Gutiérrez, M.C.¹, Sanz-Buenhombre, M.², Pérez C.², Garita-Cambronero, J.¹

¹Área de Innovación de Procesos, Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León, Valladolid, España; ²Dulces y Conservas Helios S.A., Valladolid, España. †Corresponding author.

*mardiaan@itacyl.es; gongarpt@itacyl.es

Resumen:

Los productos fermentados constituyen una categoría de alimentos con alta aceptación a nivel del consumidor, en gran parte debido a los efectos beneficiosos asociados a la presencia de microorganismos viables. Estos microorganismos desempeñan un papel clave en la modulación de la microbiota intestinal y en el mantenimiento de la homeostasis gastrointestinal. En este sentido, la capacidad de supervivencia de dichos microorganismos durante su tránsito a través del tracto gastrointestinal es un requisito fundamental para garantizar la expresión de sus efectos fisiológicos y funcionales en el huésped. Hasta la actualidad, la mayoría de los fermentados lácticos se han desarrollado en matrices de origen lácteo. No obstante, el creciente interés y la demanda por productos de origen vegetal han impulsado el desarrollo de fermentados a partir de este tipo de matrices, consolidándolos como una relevante oportunidad de mercado y un campo emergente dentro de la innovación alimentaria.

A partir de purés de mango y manzana se elaboraron dos lactofermentos con cultivos iniciadores diferentes; F1, constituido por una cepa del género *Lactobacillus*, y F2, integrado por una mezcla de *Bifidobacterium*, *Lactobacillus* y *Streptococcus*. Los productos obtenidos se sometieron a un sistema de digestión gastrointestinal simulada que reprodujo las condiciones de estómago e intestino delgado (duodeno, yeyuno e íleon) en condiciones dinámicas continuas y siguiendo el protocolo consensuado INFOGEST. El digestato fue caracterizado a nivel microbiológico mediante técnicas de cultivo y análisis metataxonómico basados en el gen 16S rRNA bacteriano y la región ITS fúngica.

Se observó una mayor diversidad microbiana en los lactofermentos elaborados con F2, independientemente de la matriz vegetal empleada. En estos, predominaron los géneros del cultivo iniciador, con especial abundancia de *Streptococcus* en Mango+F2 (26%) y Manzana+F2 (64%). En los fermentos elaborados con F1 predominó *Lactobacillus* (97-99%). En cuanto a la fracción fúngica, se observó predominio de *Symmetrospora* en Manzana+F2 (79%) y de *Kluyveromyces* en Mango+F2 (53%), lo que sugiere una influencia relevante de la microbiota propia de la matriz vegetal. El cultivo microbiológico mostró digeridos ricos en bacterias ácido-lácticas ($1,70 \times 10^3$ - $9,20 \times 10^5$ UFC/g), sin detección de enterobacterias, mohos ni levaduras. En conjunto, los resultados indican que las bacterias ácido-lácticas empleadas en matrices vegetales presentan una capacidad de supervivencia frente al tracto gastrointestinal lo que respalda el interés tecnológico y funcional de estos lactofermentos vegetales como potenciales alternativas alimentarias probióticas de base no láctea.

Palabras clave: Lactofermentos Vegetales, Digestión Gastrointestinal, Probióticos.

Financiación: Trabajo financiado por Dulces y Conservas Helios S.A. a través del proyecto “Desarrollo de alimentos infantiles de alto valor nutricional y sensorial a través de nuevos procesos de transformación más sostenibles e inteligentes” (FOOD4KIDS).



PS4-08

Producción de (+)-catequinas en la factoría microbiana *Streptomyces albidoflavus*

Serna-Diestro, Juan^{1,2,3*}, Villar, Claudio J.^{1,2,3}, Fernández, Javier^{1,2,3}, Lombó, Felipe^{1,2,3}

¹University Institute of Oncology (IUOPA), University of Oviedo, Oviedo 33006, Spain; ²Department of Functional Biology (Microbiology), University of Oviedo, Oviedo 33006, Spain; ³Biotechnology of Nutraceuticals and Bioactive Compounds (BIONUC) Group, Health Research Institute of the Principality of Asturias (ISPA), Oviedo 330011, Spain.

*sernadjuan@uniovi.es

Resumen

En los últimos años, el mercado de los flavonoides ha ganado cada vez mayor interés. Los flavonoides son metabolitos secundarios producidos por las plantas que destacan por poseer diferentes actividades beneficiosas para la salud humana como pueden ser su capacidad antioxidante, antiinflamatoria y antitumoral. Dentro de la familia de los flavonoides se encuentran las catequinas, como aquellas que se encuentran en el té verde o el chocolate. Aparte de los efectos beneficiosos que otorgan a la salud, estos compuestos también son los precursores de las antocianinas y los taninos, compuestos con un alto valor añadido. Entre las (+)-catequinas destacan la (+)-afzelequina que presenta actividad antiinflamatoria y protectora pulmonar, y la (+)-catequina asociada a efectos beneficiosos para la salud para aquellas personas que sufren de diabetes tipo 2.

Sin embargo, la creciente demanda de estos compuestos no puede satisfacerse mediante su extracción a partir de los productores naturales. Por otro lado, su síntesis química resulta compleja, laboriosa y altamente costosa debido a la estereoquímica de las moléculas. En este contexto, la producción heteróloga de flavonoides en factorías bacterianas se presenta como una gran alternativa para solventar este problema de una manera sostenible, eficiente y respetuosa con el medio ambiente.

En el presente trabajo se presenta a *Streptomyces albidoflavus* como plataforma para la producción biotecnológica de (+)-catequinas. Para ello, los genes sintéticos necesarios para la producción de (+)-afzelequina a partir de L-tirosina y malonil-CoA fueron integrados a lo largo del cromosoma de la bacteria. Estos genes de diferente origen codificaban las siguientes enzimas: la tirosina amonía-liasa (TAL), la 4-coumaroil-CoA ligasa (4CL), la chalcona sintasa (CHS), la chalcona isomerasa (CHI), un gen codificante de la proteína accesoria chalcona isomerasa *like* (CHI-*like*), la flavanona 3-hidroxilasa (F3H), la dihidroflavonol reductasa (DFR) y por último la leucoantocianidina reductasa (LAR).

Como resultado, se logró la producción *de novo* de (+)-afzelequina en *S. albidoflavus*, siendo, hasta donde alcanza nuestro conocimiento, el primer caso descrito en actinomicetos. Adicionalmente, se obtuvo la producción de (+)-catequina y (+)-galocatequina mediante la suplementación del medio de cultivo con los precursores taxifolina y ampelopsina, respectivamente.

Palabras clave: *Streptomyces albidoflavus*, flavonoides, producción heteróloga, (+)-afzelequina, (+)-catequina.

Financiación: agradecemos al “Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU)” por la financiación (contrato FPI PRE2022-102792 y proyecto AGL2021-127812OB-I00).



PS4-09

Producción *de novo* de crisina y derivados en la factoría bacteriana *Streptomyces albidoflavus*

García-González, Cristina^{1,2,3*}, Villar, Claudio J.^{1,2,3}, Fernández, Javier^{1,2,3}, Lombó, Felipe^{1,2,3}

¹Instituto Universitario de Oncología del Principado de Asturias (IUOPA), Universidad de Oviedo, Oviedo 33006, España; ²Departamento de Biología Funcional (Microbiología), Universidad de Oviedo, Oviedo 33006, España; ³Grupo de Investigación Biotecnología de Nutraceuticos y Compuestos Bioactivos (BIONUC), Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Oviedo 33011, España

*garciagcristina@uniovi.es

Resumen

Las 4'-desoxiflavonas son un grupo de flavonoides derivados de la pinocembrina, caracterizados por la ausencia del grupo 4'-hidroxilo en su estructura. Entre estos compuestos se encuentran la crisina y sus derivados, como la baicaleína y la oroxilina A. Las 4'-desoxiflavonas representan los principales compuestos bioactivos en las plantas de la familia *Lamiaceae*, como es el caso de la planta medicinal *Scutellaria baicalensis* Georgi, cuyas raíces se han utilizado tradicionalmente como fuente baicaleína. Destacan por presentar diversas actividades biológicas, entre ellas, sus propiedades antioxidantes, antitumorales, antiinflamatorias y antivirales. Debido a su potencial farmacéutico y nutraceutico, así como a las limitaciones asociadas tanto a su extracción a partir de plantas como a su síntesis química, en los últimos años ha aumentado el interés en su producción heteróloga mediante microorganismos empleando técnicas de biología sintética. En este contexto, se ha logrado la biosíntesis *de novo* de crisina y sus derivados en varias factorías microbianas, incluyendo *Saccharomyces cerevisiae*, *Pichia pastoris* y *Escherichia coli*. En este trabajo, se ha optimizado la ruta de biosíntesis de la crisina y sus derivados para su producción heteróloga en la factoría bacteriana *Streptomyces albidoflavus*.

En plantas, la crisina se sintetiza a partir de L-fenilalanina por la acción secuencial de la fenilalanina amonio liasa (PAL), la *p*-cumaroil-CoA ligasa (4CL), la chalcona sintasa (CHS), la chalcona isomerasa (CHI) y la flavona sintasa (FNS). A partir de la crisina, pueden generarse diversos derivados mediante la acción de enzimas de modificación, principalmente hidroxilasas y metilasas. En particular, la baicaleína se forma por la acción de la flavona 6-hidroxilasa (F6H), mientras que la oroxilina A se obtiene mediante la acción combinada de esta enzima y la flavona 6-O-metiltransferasa (FOMT-6). En este trabajo, se ha empleado la tecnología de clonación Golden Standard, junto con la colección de vectores integrativos modulares pSEVA, para la introducción de la ruta biosintética de crisina y sus derivados en el genoma de *S. albidoflavus*, logrando así la producción *de novo* de estos compuestos.

Palabras clave: crisina, baicaleína, oroxilina A, 4'-desoxiflavonas, *Streptomyces albidoflavus*

Financiación: Agradecemos al "Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU)" por la financiación (Contrato FPI PREP2024-002829 y Proyecto PID2024-161852OB-I00).



PS4-10

Bioprospecting of microorganisms from traditional fermented foods: isolation and functional characterization

Pinedo-Araco, Imanol¹; Ruiz-Yurrebaso, Josu^{1,2}; Park, Seonghwan^{1,2}; Hemantkumar-Pawar, Harsh^{1,2}; & Alvarado-Jasso, Guadalupe Monserrat^{1*}

¹GOf Tech Center, Technology Center in Gastronomy, Basque Culinary Center, 20013 Donostia-San Sebastián, Spain.

²Basque Culinary Center, Faculty of Gastronomy Sciences, Mondragon Unibertsitatea, 20009 Donostia-San Sebastián, Spain.

*gmalvarado@bculinary.com

Summary

Microbial diversity in traditional fermented foods represents a largely untapped source of strains with potential biotechnological and functional applications. In this study, we aimed to isolate and characterize lactic acid bacteria (LAB) and yeasts from artisanal fermented foods (dokla, dosha, nuruk), with the objective of exploring their enzymatic activities, exopolysaccharide (EPS) production, and functional properties.

Microorganisms were selectively isolated using MRS media for LAB and potato dextrose agar and Sabouraud broth for yeasts. Preliminary characterization included morphological observation, Gram staining, and basic biochemical tests such as catalase and oxidase activity. Molecular identification by PCR was performed. Isolates were screened semi-quantitatively for enzymatic activities (amylase, phytase, lipase, and protease) and for exopolysaccharide (EPS) production on sucrose-supplemented media. Functional potential was further assessed using *in vitro* digestion models (INFOGEST), complemented by biochemical characterization with API galleries.

Additionally, a selected strain will be applied in a plant-based food matrix, and its performance will be compared with a conventional dairy-based matrix, in order to evaluate its technological and functional potential across different food systems.

Preliminary observations suggest that these fermented food sources harbor microbial strains exhibiting diverse enzymatic capabilities and EPS-producing potential, indicating their prospective application in food fermentation and functional ingredients. The study emphasizes the biotechnological relevance of underexploited microbial communities from fermented foods, highlighting opportunities for sustainable utilization and innovation in the food sector.

Overall, the work provides a framework for the identification and exploitation of novel microbial resources, supporting the development of functional foods and contributing to the diversification of microbial starter cultures for industrial applications.

Key words: Microbial diversity, INFOGEST digestion model, Exopolysaccharides (EPS), Fermented foods, Biotechnological potential.

Funding: Scientific communication (poster) of the OMIPERBIO Network funded by the CDTI (Center for the Development of Industrial Technology), through the Ministry of Science, Innovation and Universities, under the grants aimed at Centers of Technological Excellence “Cervera” within the framework of the State Plan for Scientific and Technical Research and Innovation 2024–2027 **CER-20251006** and by the Basque Government through the “Ikertalent 2024” fellowship program.



PS4-11

Biosíntesis de (-) epiafzelechina y otros flavan-3-oles en la factoría bacteriana *Streptomyces albidoflavus*

Aparicio-Ruiz, Jonathan^{1,2,3*}, Serna-Diestro, Juan^{1,2,3}, Villar, Claudio J.^{1,2,3}, Fernández, Javier^{1,2,3}, Lombó, Felipe^{1,2,3}

¹University Institute of Oncology (IUOPA), University of Oviedo, Oviedo 33006, Spain; ²Department of Functional Biology (Microbiology), University of Oviedo, Oviedo 33006, Spain; ³Biotechnology of Nutraceuticals and Bioactive Compounds (BIONUC) Group, Health Research Institute of the Principality of Asturias (ISPA), Oviedo 33011, Spain.

*apariciojonathan@uniovi.es

Resumen

Los flavonoides son los polifenoles más abundantes en las plantas y los más frecuentes en la dieta humana. Todos los flavonoides tienen una estructura básica formada por dos anillos aromáticos (Anillos A y B) unidos por un heterociclo (Anillo C). Los flavonoides se pueden clasificar en diferentes familias en función de las modificaciones que tengan en su estructura básica, dando lugar a flavonas, flavanonas, isoflavonas o flavan-3-oles. Los flavan-3-oles son compuestos muy abundantes en la dieta humana, al estar presentes en frutas y vegetales, especialmente en la planta de té (*Camellia sinensis*). En plantas estas moléculas actúan como compuestos quelantes, proporcionando a las plantas capacidad antifúngica y antibacteriana, mientras que en humanos han demostrado ser antioxidantes, antiinflamatorios y antitumorales, entre otras actividades.

Sin embargo, la obtención tradicional de flavan-3-oles a partir de plantas presenta limitaciones. En este contexto, la biología sintética emerge como una estrategia prometedora para la producción de estos compuestos mediante la expresión de sus genes de biosíntesis en organismos heterólogos, como *Streptomyces*. El propósito de este proyecto consiste en emplear *S. albidoflavus* como factoría bacteriana para la producción de (-) epiafzelechina y otros flavan-3-oles.

Las actividades enzimáticas necesarias para la producción de flavan-3-oles en esta factoría bacteriana comprenden TAL (tirosina amonio liasa), 4CL (4-cumarato-CoA ligasa), CHS (chalcona sintasa), CHI (chalcona isomerasa), F3H (flavonoide 3-hidroxilasa), DFR (dihidroflavonol reductasa), ANS (antocianidín sintasa) y ANR (antocianidín reductasa) que han sido diseñadas como genes sintéticos adaptados a esta factoría bacteriana, usando el sistema de clonación modular Golden Standard en plásmidos integrativos estables. Además, para llevar a cabo la diversificación estructural de los flavan-3-oles obtenidos se han añadido los genes codificadores de la SCPL (Serine Carboxypeptidase-Like) y ECGT (epigallocatequina galloil transferasa), obteniendo las formas galloiladas de los flavan-3-oles.

Los resultados muestran la producción de (-) epiafzelechina y otros flavan-3-oles en *S. albidoflavus* a partir de sus respectivos precursores.

Palabras clave: flavan-3-oles, *Streptomyces*, biología sintética, producción heteróloga

Financiación: agradecemos al “Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (MICIU)” por la financiación (contrato FPI PRE2022-102792 y proyecto AGL2021-127812OB-I00) y al Principado de Asturias por el contrato predoctoral Severo Ochoa E- 33-2025-0160408.



PS4-12

Efecto de los factores perinatales en la abundancia de distintos filotipos del clado *Bacteroides-Parabacteroides-Phocaeicola* en la microbiota intestinal de recién nacidos

Rey-Mariño, Alejandra^{1,2*}, Arbolea, Silvia^{1,2}, Solís, Gonzalo³, Suárez, Marta³, Mantecón, Laura³, Fernández, Nuria^{2,3}, Herrero, Jose David³, Gueimonde, Miguel^{1,2}

¹Departamento de Microbiología y Bioquímica de Productos Lácteos. Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC). Oviedo. España; ²Grupo de Dieta, Microbiota y Salud. Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA). Oviedo. España; ³ Servicio de Salud Pública del Principado de Asturias (SESPA). Oviedo. España

*a.rey.marino@ipla.csic.es

Resumen

La colonización de la microbiota intestinal durante la infancia temprana constituye un proceso clave para el desarrollo inmunológico y metabólico. Este proceso está modulado por diversos factores perinatales, entre ellos la edad gestacional, la exposición a antibióticos intraparto y el modo de parto. Dentro del ecosistema intestinal infantil, especies del clado *Bacteroides-Parabacteroides-Phocaeicola* desempeñan un papel central en la maduración funcional del microbioma, especialmente en el metabolismo de polisacáridos complejos. Sin embargo, el estudio de asociaciones específicas a nivel de especie se ve limitado por la resolución taxonómica del gen 16S rRNA y por el uso predominante de enfoques basados en análisis comunitarios globales, que pueden enmascarar efectos específicos de filotipo.

El objetivo de este estudio fue el de caracterizar la asociación entre factores perinatales y la abundancia de filotipos del clado *Bacteroides-Parabacteroides-Phocaeicola* en la microbiota intestinal infantil. Con este fin se analizó la composición específica de especies de los géneros *Bacteroides*, *Parabacteroides* y *Phocaeicola* en 354 muestras fecales de 98 recién nacidos recogidas a los 15 días, 1, 12 y 24 meses de edad. Se obtuvo el perfil taxonómico de todas las muestras mediante la secuenciación NGS parcial del gen 16S de ARNr (regiones V3-V4) y procesamiento bioinformático con QIIME2. Se aplicaron métodos de inferencia basados en variantes de secuencia (ASVs) utilizando DADA2 y la base de datos de Silva. Los ASVs inicialmente asignados a los géneros *Bacteroides*, *Parabacteroides* y *Phocaeicola* fueron reanotados mediante colocación filogenética en un árbol de referencia construido a partir de secuencias completas del gen 16S ARNr de especies representativas, permitiendo definir filotipos a nivel de especie. Los conteos absolutos se recalcularon agregando los ASVs correspondientes a cada filotipo. Las asociaciones con factores perinatales (edad gestacional, exposición a antibióticos intraparto, modo de parto, tipo de alimentación, exposición a antibióticos y edad del recién nacido) se evaluaron mediante modelos lineales mixtos generalizados con distribución binomial negativa.

La edad del niño emergió como el principal factor asociado con cambios en la abundancia absoluta de múltiples filotipos del clado *Bacteroides*, observándose incrementos significativos especialmente a los 24 meses de vida, compatibles con un proceso de maduración progresiva del microbioma intestinal. La exposición a antibióticos intraparto se asoció con una reducción marcada en la abundancia absoluta de *Bacteroides intestinalis* (reducción >90%). Asimismo, el tipo de parto mostró asociaciones específicas de especie, con una mayor abundancia de *Bacteroides hominis* y *Phocaeicola vulgatus* en niños nacidos por cesárea en comparación con parto vaginal. Estos resultados evidencian una modulación de la microbiota intestinal infantil por factores perinatales dentro del clado *Bacteroides-Parabacteroides-Phocaeicola*, subrayando la necesidad de enfoques filogenéticos de alta resolución y abriendo oportunidades para el diseño de estrategias nutricionales basadas en intervenciones dietéticas dirigidas o alimentos funcionales.

Palabras clave: Microbiota intestinal infantil; *Bacteroides*; factores perinatales; metataxonómica; filogenia



PS4-13

Producción enzimática de GABA en bebida de soja

Abellán, José; Sabuquillo, Pilar; Benito, José Manuel; Lazar, Raluca Elena; Langa, Susana*; Peirotén, Ángela; Palomino, Iván; Landete, José María; Curiel, José Antonio*.

Departamento de Tecnología de Alimentos, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Carretera de La Coruña Km 7,5, 28040, Madrid, España.

*langa.susana@inia.csic.es

Resumen

El ácido gamma-aminobutírico (GABA) se ha asociado con ciertas propiedades beneficiosas para la salud y, por tanto, ha captado la atención de la industria alimentaria como un compuesto bioactivo atractivo para el desarrollo de alimentos funcionales. Estudios previos del grupo dilucidaron la capacidad de distintas especies de bacterias lácticas para producir GABA, destacando cepas de lactococos por su potencial para producir elevados rendimientos de este compuesto. Debido a que las propiedades bioquímicas de las enzimas GadB procedentes de *Lactococcus cremoris* MG1363 (GadB_MG1363) y *Lactococcus lactis* Z108 (GadB_Z108) aún son desconocidas, este estudio describe la caracterización de ambas enzimas GadB_MG1363 y GadB_Z108 hiperproducidas recombinantemente en *E. coli* BL21 (DE3) mediante el vector de expresión pLATE31, así como su estabilización mediante su inmovilización en soportes de grado alimentario que permitan su aplicación tecnológica para enriquecer bebidas vegetales en GABA.

Se purificaron las enzimas GadB_MG1363 y GadB_Z108 recombinantes con un alto rendimiento de 22.12 y 20.53 mg por litro de cultivo, respectivamente. Ambas enzimas mostraron una arquitectura y propiedades bioquímicas similares, exhibiendo en ambos casos una actividad óptima a pH 5.0 y a 40°C. Además, ambas enzimas mostraron termosensibilidad a temperaturas superiores a 30°C, mientras que conservaron más del 80% de su actividad residual tras preincubaciones a 22°C durante 24h. Por otro lado, la actividad enzimática de ambas enzimas GadB aumentó ligeramente en presencia de CaCl₂. Debido a que GadB_Z108 exhibió una mejor cinética (K_m 4,84 $\mu\text{mol/L}$; V_{max} 0,54 $\mu\text{mol/L/min}$), se decidió estabilizar esta enzima mediante distintos procedimientos. Aunque la inmovilización en soportes de agarosa altamente activados con grupos N-hidroxisuccinimida y grupos glioxil redujo drásticamente la actividad catalítica, se logró estabilizar mediante su encapsulación en goma de gelana de grado alimentario. Los derivados obtenidos preservaron la actividad glutamato descarboxilasa de GadB_Z108 y mejoraron su resistencia térmica a 50°C y su tolerancia a niveles de pH más altos. Finalmente, los derivados obtenidos se exploraron para desarrollar un proceso tecnológico con el fin de elaborar bebidas de soja enriquecidas en GABA.

En conclusión, los resultados de este estudio respaldan el interés de la aplicación de los derivados estabilizados de GadB para el enriquecimiento de GABA en bebidas vegetales.

Palabras clave: GABA, glutamato descarboxilasa, encapsulación, bebida de soja

Financiación: PID2020-119630RB-I00



PS4-14

Prebiotic Potential of Arabinose- and Galactose-Rich Polysaccharides Extracted from Beetroot Peels Using Emerging Technologies

Crespo-Torbado, V^{1,2*}, Ruiz, L³, Moreno, FJ⁴, Montilla, A⁴, Gabaldón, M⁴, Bodelón, R^{1,2}, González-Raurich, M^{1,2,5}, López, M^{1,2,5}, Álvarez-Ordóñez, A^{1,2,5}, Oliveira, M^{1,2,5}

¹Departamento de Higiene y Tecnología de los Alimentos, Universidad de León, León; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos (ICTAL), Universidad de León, León; ³Departamento de Microbiología y Bioquímica de Productos Lácteos, Instituto de Productos Lácteos de Asturias – Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IPLA-CSIC), Oviedo, Asturias; ⁴Instituto de Investigación en Ciencias de la Alimentación, CIAL (CSIC-UAM), CEI (UAM+CSIC), Madrid; ⁵Instituto de Investigación Biosanitaria de León (IBIOLEÓN).

*vcret@unileon.es

Summary

The valorisation of agro-industrial by-products represents a key approach to enhance sustainability and promote the transition towards a circular bioeconomy. Among these residues, red beetroot (*Beta vulgaris* L.) peels constitute an abundant and underutilised biomass rich in structurally complex carbohydrates, including arabinose- and galactose-containing polysaccharides such as arabinans, galactans and arabinogalactans. These compounds have attracted increasing interest due to their potential as next-generation prebiotics, capable of modulating gut microbiota and promoting health. In this study, different green and emerging extraction technologies were evaluated for their efficiency in recovering arabinose- and galactose-rich fractions from beetroot peels. Conventional solid–liquid extraction was compared with ultrasound-assisted extraction (UAE), microwave-assisted extraction (MAE), and non-thermal atmospheric plasma (NTAP), as well as their combined application. All processes were carried out using water as a sustainable solvent. The obtained extracts were characterised in terms of their monosaccharide composition, with particular focus on arabinose and galactose content as indicators of the presence of bioactive polysaccharide structures.

Beyond compositional analysis, the potential prebiotic functionality of the extracts was assessed through a two-step *in vitro* approach. First, their resistance to gastrointestinal digestion was evaluated using the INFOGEST static digestion model (Brodkorb et al., 2019), simulating oral, gastric and small intestinal conditions. The results demonstrated a high stability of arabinose-rich fractions under digestive conditions, suggesting their ability to reach the colon intact, which is a key requirement for prebiotic functionality. Subsequently, *in vitro* fermentation assays were performed using representative gut microbial strains under anaerobic conditions, in order to evaluate their fermentability and selective utilisation.

The results showed that emerging extraction technologies enhance carbohydrate recovery compared to conventional methods. The potential of these fractions to be selectively metabolised by representative beneficial gut microorganisms has been established.

Overall, this work demonstrates the potential of integrating sustainable extraction technologies with *in vitro* digestion and fermentation models to identify and validate novel prebiotic ingredients from beetroot processing by-products. This strategy not only contributes to waste valorisation but also supports the development of functional food ingredients aligned with circular bioeconomy principles.

Referencias: Brodkorb, A. et al. (2019). DOI: 10.1038/s41596-018-0119-1

Palabras clave: beetroot peel, prebiotic potential, extraction technologies, *in vitro* fermentation.

Financiación: This study has received funding under the grant CNS2022-135651 funded by MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and by the European Union NextGenerationEU/PRTR.



PS4-15

Análisis de la distribución de esterasas de carbohidratos en microorganismos intestinales en la base de datos CAZY

Lorena Ruiz^{1,2*}; Adela Granja-Iglesias^{1,2}; Ana Isabel Díaz-González^{1,2}; Abelardo Margolles^{1,2}

¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), c/Francisco Pintado Fe, 26, 33011 Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA)

*lorena.ruiz@ipla.csic.es

Resumen

Las esterasas de carbohidratos (CE) desempeñan un papel esencial en las etapas iniciales de degradación y fermentación de polisacáridos complejos, incluidos muchos de los componentes de la fibra vegetal que consumimos en la dieta. Entre estas fibras destacan xilano, pectina o manano, entre otros, cuya elevada diversidad estructural condiciona de forma muy importante fermentabilidad por la microbiota intestinal y sus efectos sobre la salud del consumidor. En este contexto, la presencia de actividades CE capaces de eliminar esterificaciones por grupos acetilo, metilo, ácido ferúlico, u otros sustituyentes resulta clave pues condiciona las cadenas tróficas implicadas en la degradación cooperativa de estos polisacáridos y, por tanto, para determinar el impacto de su consumo sobre la microbiota intestinal.

En la actualidad, la base de datos de enzimas con diana de acción sobre carbohidratos (CAZY) incluye 21 familias de esterasas de carbohidratos (CE), con distinta representatividad en diferentes grupos microbianos. El objetivo de este trabajo ha sido profundizar en la distribución taxonómica de las diferentes familias CE descritas recogidas en CAZY, considerando tanto su asignación taxonómica como su sustrato predicho. Asimismo, se ha llevado a cabo un análisis in silico de la distribución de estas familias en especies microbianas representativas de la microbiota intestinal humana. Los resultados preliminares indican que la mayoría de las familias están representadas en genomas bacterianos y presentan preferencia por sustratos acetilados de distintas fibras dietéticas. Por el contrario, las actividades dirigidas frente a esterificaciones por grupos metilo, ácido ferúlico o ácido siálico parecen estar restringidas a un número limitado de familias CE. Además, cinco de las familias CE presentan como diana glicanos del hospedador. Si bien la familia CE4 es más ampliamente representada en la base de datos CAZY, un análisis comparativo realizado sobre un subconjunto de más de 800 especies características del ecosistema intestinal, sugiere un enriquecimiento diferencial de determinadas actividades CE en este ambiente.

En conjunto, estos resultados evidencian la amplia distribución de actividades CE en microorganismos comensales de la microbiota intestinal humana y abren nuevas posibilidades para la selección racional de dominios enzimáticos de interés, orientados a modular de forma dirigida el grado de esterificación de algunas fibras dietéticas y, con ello, su potencial funcional.

Palabras clave: esterasa, pectina, xilano, microbiota intestinal

Financiación: Proyecto PID2022-141737OB-I00 y ayuda predoctoral asociada (PREP2022-000450) financiados por MICIU/AEI /10.13039/501100011033, FEDER, UE y FSE+; por 202370E168 (CSIC) y ayuda del Plan Regional de Investigación para grupos IDE/2024/000704 (SEKUENS).



PS4-16

Las bacterias ácido lácticas son las principales productoras de triptamina en el queso

Arranz-Jiménez, D^{1*}, Szekeres, B¹, del Río, B¹, Alvarez, M.A.¹, Redruello, B¹

¹Grupo de Microbiología Molecular, Departamento de Tecnología y Biotecnología, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC). C/ Francisco Pintado Fe, 26. 33011-Oviedo. Asturias. España

*david.arranz@ipla.csic.es

Resumen

La triptamina es un agente liberador de serotonina (SRA, por sus siglas en inglés) en el cerebro humano, donde se sintetiza mediante la descarboxilación del L-triptófano. Los SRA han sido propuestos como posibles nuevos antidepresivos y ansiolíticos. La triptamina también ejerce esta función liberadora de serotonina en el intestino humano, al que puede llegar directamente a través de la dieta o producirse como resultado de la actividad metabólica de la microbiota intestinal. Por otra parte, la triptamina, al igual que otras aminas biógenas, está incluida en la lista de aminas biógenas potencialmente perjudiciales presentes en los alimentos elaborada por la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA). Así pues, dependiendo de la concentración que alcance en los alimentos, la triptamina podría ejercer efectos beneficiosos o perjudiciales sobre la salud de los consumidores. Sin embargo, el conocimiento acerca de los determinantes microbiológicos y genéticos que controlan su acumulación en los alimentos es muy limitado. En este trabajo se presentan los resultados del cribado de 2.982 aislados bacterianos procedentes de queso en cuanto a su capacidad de producir triptamina. Solo el 1,4 % de los aislados la produjeron y se clasificaron como productores débiles (rendimiento de triptamina < 25 %), intermedios (25–75 %) o fuertes (> 75 %). Los productores intermedios y fuertes se identificaron como bacterias del ácido láctico de las especies *Loigolactobacillus coryniformis* y *Latilactobacillus curvatus*. Los productores débiles pertenecían a las especies *Enterococcus durans*, *Staphylococcus epidermidis*, *Klebsiella pneumoniae* y *Corynebacterium flavescens*. La secuenciación y el análisis del genoma de *L. coryniformis* IPLA14021 —el productor de triptamina más eficiente— permitieron identificar un *cluster* genético que contenía un gen codificante de una potencial descarboxilasa de L-triptófano. Análisis posteriores permitieron localizar dicho *cluster* en un plásmido, cuya curación eliminó la capacidad de la cepa de producir triptamina, demostrando así la función biosintética del *cluster*. La futura caracterización de esta cepa permitirá conocer su potencial como factoría celular para la producción de triptamina, como cultivo iniciador o adjunto en la elaboración de productos lácteos enriquecidos en este compuesto o incluso como agente psicobiótico con potencial actividad antidepresiva.

Palabras clave: aminas biógenas, neuroactivos, SRA, *Loigolactobacillus coryniformis*, psicobióticos

Financiación: AEI (PEICTI 2017-2020: PID2020-112629RB-I00), AEI (PEICTI 2024-2027: PID2024-155760OB-I00), SEKUENS-FEDER (IDE/2024/000736).

PÓSTERS SESIÓN 5





PS5-01

Fermentación dirigida de suero lácteo de diferentes orígenes por bacterias lácticas para la obtención de bebidas funcionales**González González, Felipe^{1*}, Vázquez Sánchez, Xenia¹, Margolles Barros, Abelardo¹, Ruas Madiedo, Patricia¹**¹Instituto de Productos Lácteos de Asturias, Calle Francisco Pintado Fe 26, 33011, Oviedo

*felipe.gonzalez@ipla.csic.es

Resumen

El suero lácteo es uno de los principales subproductos de la industria quesera, cuya elevada carga orgánica supone un problema ambiental, pero también una oportunidad para su valorización dentro de la economía circular. Su composición, lo convierte en una materia prima con alto valor potencial para el desarrollo de alimentos funcionales, como los enriquecidos en péptidos bioactivos. La fermentación con bacterias lácticas (BAL) permite liberar estos péptidos encriptados en la proteína láctea mediante su sistema proteolítico, aunque la eficiencia del proceso depende tanto de las cepas como del origen del suero. En este trabajo se evaluó la fermentación controlada de sueros de vaca, cabra y oveja mediante BAL individuales y sus consorcios, integrando análisis genómico, metabólico y peptidómico.

Material y métodos

Se obtuvieron sueros a partir de leche de vaca, cabra y oveja, que fueron esterilizados mediante ultrafiltración. Se emplearon tres cepas: *Lactococcus lactis* LCDCV2, *Lactiplantibacillus plantarum* LCOC16 y *Lacticaseibacillus paracasei* VCV49, tanto en cultivo individual como en dos consorcios. Las fermentaciones se realizaron a 30°C durante 8 h, monitorizando pH, densidad óptica y recuentos microbianos. La actividad proteolítica se determinó mediante el ensayo OPA, expresada como ácido glutámico libre. Se analizaron la producción de ácidos orgánicos por HPLC, compuestos volátiles por GC-MS y el perfil peptídico mediante UHPLC-MS tras filtración de los sueros fermentados (<3 kDa). Los péptidos generados se seleccionaron por su potencial bioactivo mediante herramientas bioinformáticas.

Resultados

El análisis genómico confirmó la mayor complejidad del sistema proteolítico en *L. lactis* LCDCV2 (incluyendo proteasas extracelulares, sistemas de transporte y regulación) frente a los lactobacilos. Los consorcios, especialmente aquel con mayor carga microbiana inoculada, presentaron mayor actividad proteolítica en sueros de vaca y oveja que en cabra, evidenciando interacciones sinérgicas entre cepas. Se observaron diferencias significativas en la producción de ácidos orgánicos como el láctico y el acético, lo que refleja la capacidad heterofermentativa de las cepas, así como en la producción de compuestos volátiles como diacetilo o acetaldehído, dependientes tanto de la cepa como de la matriz. El análisis peptidómico mostró que el perfil de péptidos generados se agrupa principalmente según el origen del suero, indicando un efecto determinante de la matriz destacando la presencia de péptidos con actividad antihipertensiva y antidiabética.

Conclusión

Los resultados evidencian que la matriz láctea condiciona el metabolismo microbiano, modulando la producción de metabolitos y el perfil peptídico, con implicaciones en el desarrollo de alimentos funcionales.

Palabras clave: suero lácteo, fermentación, BAL, péptidos bioactivos, bebidas funcionales**Financiación:** PID2021-127362OB-I00 F. González agradece su contrato predoctoral BP20-082 al Gobierno del Principado de Asturias. X. Vázquez agradece su contrato postdoctoral ITM-POSTDOC-23-05 al ISPA.



PS5-02

Valorización de residuos grasos de la industria cárnica mediante *Cupriavidus necator* para la producción de polihidroxialcanoatos

Nieto, Raquel^{1*}, Marcet, Ismael¹, Rendueles, Manuel¹

¹Universidad de Oviedo

*raquelnietocst@gmail.com

Resumen

La generación de subproductos en la industria alimentaria es actualmente un reto ambiental y económico de creciente relevancia. Según datos de la FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations), aproximadamente 40 millones de toneladas de residuos cárnicos procedentes de animales como cerdo, oveja, pollo o cabra se produjeron en Europa en 2022, de los cuales 5 millones de toneladas correspondían a la fracción lipídica. En este contexto, los residuos grasos de origen animal (Waste Animal Fat, WAF) constituyen una fracción abundante y de bajo coste que puede ser aprovechada como fuente de carbono en procesos biotecnológicos. Entre los microorganismos capaces de valorizar estos residuos destaca *Cupriavidus necator*, capaz de asimilar compuestos lipídicos y sintetizar polihidroxialcanoatos (PHA), un biopolímero biodegradable que puede emplearse como alternativa a los plásticos convencionales derivados del petróleo.

En este trabajo se estudió el potencial de diferentes residuos grasos de la industria cárnica para su valorización mediante la producción de PHA por *Cupriavidus necator*, así como la optimización de las condiciones de fermentación para aumentar su eficiencia. Para ello, la grasa fue extraída de diferentes residuos de pollo, salchicha y albóndiga mediante extracción Soxhlet con dietil éter. El residuo de albóndiga presentó el mayor rendimiento en la extracción (39%), por lo que fue seleccionado como sustrato para los ensayos de fermentación. La producción de PHA se llevó a cabo en matraz durante 96 horas, empleando concentraciones de sustrato de 5, 15 y 25 g/L, bajo condiciones de 30 °C y 150 rpm. Los resultados mostraron que la concentración de sustrato influye significativamente en la producción, alcanzándose un máximo de 2,6 g/L a las 48 horas con 15 g/L de grasa. El aumento de la concentración hasta 25 g/L no mejoró el rendimiento, observándose incluso una disminución, lo que sugiere posibles efectos inhibitorios asociados al exceso de sustrato. Asimismo, el incremento de la temperatura hasta 38 °C, planteado para mejorar la accesibilidad del sustrato lipídico, tuvo un efecto negativo en la producción, demostrando que dichas condiciones no son óptimas para el crecimiento del microorganismo.

En conjunto, los resultados obtenidos ponen de manifiesto el potencial de los residuos grasos cárnicos como sustrato en procesos de revalorización en la cadena alimentaria. Sin embargo, su baja biodisponibilidad constituye un factor limitante para la eficiencia del proceso, lo que resalta la importancia de optimizar las condiciones y de aplicar estrategias complementarias, como la adición de agentes emulsificantes, para mejorar la accesibilidad del sustrato y aumentar la producción de biopolímeros.

Palabras clave: Polihidroxialcanoatos, Bioprocesos, Valorización de residuos, Biotecnología alimentaria, *Cupriavidus necator*.

Financiación: MCINN-24-PCI2024-153512



PS5-03

Potencial efecto inhibidor de *Lactiplantibacillus plantarum* sobre bacterias lácticas contaminantes del vino

Balmaseda, A^{1*}, Barranco, A¹, Rozès, N², Reguant, C¹

¹Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Facultat d'Enologia, Grup de Biotecnologia Enològica; ²Universitat Rovira i Virgili, Departament de Bioquímica i Biotecnologia, Facultat d'Enologia, Grup de Biotecnologia Microbiana d'Aliments

*aitor.balmaseda@urv.cat

Resumen

La bioprotección mediante microorganismos beneficiosos se plantea como una estrategia prometedora para el control de microorganismos no deseados en la industria alimentaria, especialmente en enología. En este contexto, las bacterias lácticas (BL) pueden desempeñar un papel relevante por su capacidad de acidificar el medio y producir compuestos antimicrobianos, incluidas bacteriocinas. *Lactiplantibacillus plantarum*, especie frecuente en uvas y mostos, ha suscitado interés por su potencial como cultivo bioprotector frente a microorganismos alterantes del vino.

El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto inhibidor de *Lpb. plantarum* frente a dos BL contaminantes del vino: *Pediococcus pentosaceus* y *Levilactobacillus brevis*. Para ello, se estudió su actividad mediante: (i) ensayos de crecimiento en medio suplementado con sobrenadante libre de células (SLC) de siete cepas enológicas de diversos orígenes de *Lpb. plantarum*, y (ii) cocultivos directos. Todos los experimentos se realizaron en medio mosto blanco (GJM).

Para los ensayos con SLC, las cepas de *Lpb. plantarum* se cultivaron durante 7 días, obteniéndose los correspondientes sobrenadantes. Las BL contaminantes se inocularon (10^6 UFC/mL) en diferentes proporciones de SLC (100%, 75%, 50% y 25%) en placas de 96 pocillos, monitorizándose el crecimiento durante 72 h (DO 600 nm). Se incluyó un control de pH ajustado al valor final de los cultivos de *Lpb. plantarum* para discriminar si el efecto inhibidor era únicamente debido a la acidificación. No se observó crecimiento de las BL contaminantes en las condiciones de SLC al 100% y 75%, y la inhibición se mantuvo parcialmente a menores concentraciones, especialmente alargando la fase de latencia. Además, se observó que el efecto inhibitorio detectado era cepa dependiente. Se observó un mayor crecimiento en la condición control con pH ajustado que en presencia de SLC, indicando que la inhibición no se debe exclusivamente a la acidificación, sino también a otros metabolitos.

En los cocultivos, se inocularon *P. pentosaceus* y *Lvb. brevis* (10^4 UFC/mL) junto con *Lpb. plantarum* (10^4 – 10^6 UFC/mL). El seguimiento de poblaciones viables en placa (días 1, 4, 7 y 14) se observó una reducción progresiva de la viabilidad de las BL contaminantes, especialmente en el caso de *P. pentosaceus*.

En conjunto, los resultados muestran el potencial de *Lpb. plantarum* como agente bioprotector en mosto, ejerciendo un efecto inhibidor sobre bacterias lácticas alterantes mediante mecanismos no limitados a la acidificación.

Palabras clave: bacterias lácticas, vino, bioprotección, interacciones microbianas

Financiación: PID2024-158077OB-I00, financiado por el MICIU / AEI / 10.13039/501100011033 / FEDER, UE



PS5-04

Biocontrol de *Listeria innocua* mediante comunidades microbianas sintéticas derivadas del queso

Ana Belén Flórez^{1,2*}, Eva Fernández^{1,2}, Pablo Moro¹, Javier Rodríguez^{1,2} y Baltasar Mayo^{1,2}

¹Departamento de Microbiología y Bioquímica, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Francisco Pintado Fe 26, 33011-Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Avenida de Roma s/n, 33011-Oviedo, Asturias

*abflores@ipla.csic.es

Resumen

Introducción. El queso constituye un ecosistema complejo en el que las interacciones microbianas determinan la calidad y seguridad del producto. La presencia de *Listeria monocytogenes* en queso, especialmente en variedades elaboradas con leche cruda, supone un riesgo para la salud debido a su elevada virulencia, en particular para los grupos vulnerables. En este contexto, el diseño de consorcios microbianos que inhiban la colonización o el desarrollo de microorganismos patógenos mediante interacciones negativas resulta de gran interés para la seguridad alimentaria.

Objetivo. Evaluar la capacidad inhibitoria frente a *Listeria innocua* –como subrogado de *Listeria monocytogenes*– de cepas de bacterias y levaduras que constituyen la microbiota “core” del queso de Cabrales, comparando su eficacia individual y combinada.

Material y métodos. Se diseñaron consorcios constituidos por combinaciones de 12 cepas representativas de 12 especies, incluyendo bacterias ácido lácticas (BAL), bacterias no-BAL y levaduras. La actividad inhibitoria se analizó en medio BHI mediante la medida de la densidad óptica (DO) y recuentos microbianos, evaluando mecanismos contacto-independientes (sobrenadantes) y contacto-dependientes (co-cultivos). Posteriormente, se seleccionaron algunos consorcios para su evaluación en leche.

Resultados. En los ensayos con sobrenadantes, la mayor inhibición se observó en los procedentes de los consorcios denominados “ACIDIFICADOR” (*Lactococcus lactis*, *Lactococcus cremoris* y *Lactiplantibacillus plantarum*), “BAL” (que añade *Leuconostoc mesenteroides*, *Lactocaseibacillus casei* y *Tetragenococcus koreensis*) y “PROCARIOTAS” (que incorpora además *Staphylococcus caseorum*, *Brevibacterium linens* y *Corynebacterium variabile*). Los sobrenadantes de estos consorcios redujeron la DO de *L. innocua* en un 45% tras 24 h. Por el contrario, los consorcios “LEVADURAS” (*Geotrichum candidum*, *Debaryomyces hansenii* y *Kluyveromyces lactis*) y “MADURACIÓN” (*S. caseorum*, *B. linens* y *C. variabile*) mostraron una inhibición limitada ($\leq 20\%$). Las cepas del consorcio “MADURACIÓN” no mostraron gran inhibición *per se*, pero incrementaron la inhibición cuando se integraron con las BAL (consorcio “PROCARIOTAS”). En los co-cultivos en BHI se repitió el patrón de inhibición de los sobrenadantes, con reducciones de 1-1,5 log₁₀ UFC/mL en los recuentos de *L. innocua*. La inhibición fue significativamente superior en los co-cultivos en leche, en los que los consorcios “ACIDIFICADOR”, “BAL” y “PROCARIOTAS” causaron descensos en recuentos de 2-3 log₁₀ UFC/mL.

Conclusión. Los resultados indican el potencial de consorcios microbianos, constituidos por cepas autóctonas del queso Cabrales, como estrategia natural de biocontrol frente a *Listeria* spp. en queso.

Palabras clave: *Listeria innocua*, inhibición de patógenos, consorcios microbianos, mezclas sintéticas

Financiación: Proyectos del PN (PID2022-141271NB-I00) y Principado (IDE/2024/00073650916)



PS5-05

Influencia de factores abióticos en la dinámica de poblaciones microbianas y la calidad del queso

Baltasar Mayo^{1,2*}, Javier Rodríguez^{1,2}, Marcos Sampedro¹, Eva Fernández^{1,2}, Pablo Moro¹ y Ana Belén Flórez^{1,2}

¹Departamento de Microbiología y Bioquímica, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA), Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), Francisco Pintado Fe 26, 33011-Oviedo; ²Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA), Avenida de Roma s/n, 33011-Oviedo, Asturias

*baltasar.mayo@ipla.csic.es

Resumen

Introducción: En la mayoría de los casos, la microbiota de los quesos está formada por una diversidad de microorganismos que incluye bacterias, levaduras, mohos filamentosos y sus respectivos virus. Las comunidades microbianas interactúan y compiten por espacio y nutrientes bajo las exigentes condiciones ambientales de los procesos de elaboración y maduración. Las interacciones que se producen entre los distintos biotipos tienen una gran influencia en la calidad, la seguridad higiénica y la vida útil del queso. En la actualidad, existe un gran desconocimiento sobre la influencia de factores bióticos y abióticos en la dinámica de poblaciones y su influencia en la calidad y seguridad alimentaria.

Material y Métodos: En este trabajo evaluamos en cultivos *in vitro* y en un modelo de queso el desarrollo de un consorcio de 12 cepas, compuesto por bacterias y levaduras aisladas del queso Cabrales, bajo condiciones de cultivo que recuerdan las que tienen lugar a lo largo de los procesos de elaboración y maduración. Así, se ha estudiado la evolución de los microorganismos bajo distintas fuentes de carbono, diferente pH inicial, temperatura de cultivo y concentración de sal. La evolución microbiana se estudió mediante recuentos en placa y análisis metataxonómicos. En el modelo de queso se determinó también el efecto de esas condiciones en la funcionalidad del consorcio a través del seguimiento del progreso de la acidificación y la producción de compuestos de aroma y sabor.

Resultados: Las poblaciones microbianas en queso evolucionaron siguiendo las variaciones de pH, temperatura y concentración de sal. *Lactococcus* fue la población dominante entre los procariotas en la mayoría de los ensayos, y *Geotrichum candidum* fue la especie eucariota más abundante. En condiciones restrictivas de azúcar, pH, sal y temperatura, *Tetragenococcus koreensis*, *Staphylococcus equorum* o *Lactiplantibacillus plantarum* mostraron mayor prevalencia. Los quesos elaborados con el consorcio completo presentaron buenas propiedades microbiológicas, físico-químicas y sensoriales. El análisis cromatográfico reveló la contribución diferencial de factores y microorganismos a la producción de precursores y compuestos de aroma y sabor.

Conclusiones: El pH, la concentración de sal y la temperatura son factores abióticos clave en el desarrollo de las poblaciones microbianas de la microbiota del queso. Estas se ven afectadas de manera diferencial por los factores abióticos estudiados, lo que modula, en último término, las propiedades sensoriales del queso. El uso consorcios microbianos complejos como fermento permite estandarizar las poblaciones mayoritarias de la microbiota, lo que contribuye a conservar la tipicidad y complejidad organoléptica de cada variedad.

Palabras clave: Microbiota del queso, fermentos, cultivos adjuntos, factores abióticos

Financiación: Proyectos del PN (PID2022-141271NB-I00) y Principado (IDE/2024/00073650916)



PS5-06

Perfil bacteriano de la microbiota equina del Principado de Asturias

Peeters B^{1*}, García A², Arbolea S¹, Gueimonde M¹

¹Departamento de Microbiología y Bioquímica de Productos Lácteos, Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC), Oviedo, Asturias; ²Ganadería Valgrande Asturcones, Villaviciosa, Asturias.

*beatriz.peeters@ipla.csic.es

Resumen

INTRODUCCIÓN: En los últimos años, la ganadería equina ha adquirido relevancia en el Principado de Asturias, impulsada tanto por la conservación del asturcón como por la cría de caballos de Pura Raza Española. Esta actividad se apoya en la riqueza vegetal del territorio, con prados de alto valor forrajero. En el caballo, como fermentador de intestino posterior, la microbiota intestinal resulta esencial para la degradación de la fibra y el aprovechamiento energético de la dieta, desempeñando un papel clave en la salud digestiva.

OBJETIVO: Dado que las alteraciones del equilibrio intestinal pueden provocar trastornos graves, es fundamental conocer los microorganismos que componen la microbiota equina. Actualmente, existe una escasez de cepas autóctonas que permitan desarrollar probióticos específicos para esta especie. Por ello, este estudio tiene como objetivo aislar e identificar microorganismos presentes en la microbiota intestinal y en la leche materna equina, con el fin de crear una colección de cultivos representativa y útil para futuras aplicaciones en nutrición y salud.

METODOLOGÍA: Se recolectaron muestras fecales y de leche materna de cinco yeguas (tres de raza Pura Raza Española y dos asturcones) y muestras fecales de sus respectivos potros. Las muestras se cultivaron en tres medios diferentes bajo condiciones anaeróbicas a 37 °C durante 72 horas. Tras el aislamiento y purificación de las colonias, se extrajo el ADN genómico y se secuenció parcialmente el gen del ARN ribosómico 16S (ARNr 16S) para la identificación taxonómica de las cepas.

RESULTADOS: Los recuentos microbianos oscilaron entre $5,00 \times 10^6$ y $2,79 \times 10^9$ UFC/g en potros, entre $1,00 \times 10^6$ y $3,38 \times 10^9$ UFC/g en yeguas, y entre $1,00 \times 10^3$ y $7,50 \times 10^4$ UFC/g en leche materna. Se aislaron un total de 192 colonias, de las cuales 183 fueron puras. El análisis de secuencias mostró que la microbiota intestinal equina estaba dominada, en términos generales, por bacterias del género *Lactobacillus* (35,5%), seguidas de *Streptococcus* (17,45%). Además, se observó una mayor proporción de lactobacilos en yeguas (56%) que en potros (37,37%), mientras que en la leche materna predominaron *Staphylococcus* (38,24%). Dentro del grupo de lactobacilos, se identificaron *Lactobacillus equi* (30,8%), *Lactobacillus equigenersi* (16,9%), *Lactobacillus hayaquitensis* (4,6%) y *Lactobacillus amylovorus* (12,31%). Se observaron diferencias según el tipo de muestra y la diada yegua-potro.

CONCLUSIÓN: Se han aislado un conjunto de cepas bacterianas, procedentes tanto de leche materna como de heces de yegua y heces de potro, todas ellas potenciales candidatas para su caracterización fenotípica y genotípica con el objetivo final de desarrollar probióticos específicos para equinos.

Palabras clave: Equinos, microbiota intestinal, microbiota leche materna, probióticos, colección cultivos.



PS5-07

Bacterias halófilas y halotolerantes como fuente de biosurfactantes con aplicación en la industria alimentaria

Valgañón-Pérez, Elena^{1,2*}, Azpiazu-Muniozguren, Maia^{1,2}, Laorden, Lorena^{1,2}, Martínez-Malaxetxeberria, Irati^{1,2}, Martínez-Ballesteros, Ilargi^{1,2}

¹Grupo de Investigación Mikrolker, Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad del País Vasco UPV/EHU, 01006, Vitoria-Gasteiz, Álava, España; ²Bioaraba, Microbiología, Enfermedades Infecciosas, Agentes antimicrobianos y Terapia Génica, 01006, Vitoria-Gasteiz, Álava, España

*elena.valganon@ehu.eus

Resumen

Las salinas continentales constituyen ecosistemas extremos que albergan microorganismos adaptados a condiciones hipersalinas con notable potencial biotecnológico. En este contexto, en el presente estudio se aislaron bacterias a partir de la salmuera utilizada en el proceso de producción de sal en el Valle Salado de Añana (Álava, País Vasco), con el objetivo de evaluar su capacidad para producir biosurfactantes (BS) con un potencial interés en la industria alimentaria.

Se obtuvieron un total de 149 aislamientos bacterianos halófilos y halotolerantes, identificándose géneros como *Halomonas*, *Pseudoalteromonas* y *Micrococcus*, entre otros. La producción de BS se evaluó mediante ensayos de emulsificación (índice E_{24}), el test *Oil Spreading* y la prueba sobre Parafilm-M. Los resultados mostraron que un total de 24 aislamientos fueron identificados como productores de BS, ya que en sus cultivos se detectó actividad tensioactiva. De entre todos los aislamientos, 6 fueron destacables por las emulsiones altamente estables generadas con aceites.

Además, los aislamientos ASV58 (*Alteripontixanthobacter muriae*) y ASV77T (*Halomonas titanicae*) fueron seleccionados para la extracción de BS mediante dos técnicas: precipitación con etanol frío, asociada a la extracción de moléculas emulsificantes, y extracción con acetato de etilo tras acidificación, orientada a las moléculas que disminuyen la tensión superficial. Ambos aislamientos mostraron actividad emulsificante tras la extracción, mientras que la fracción asociada a la reducción de la tensión superficial destacó en ASV77T. Además, este último extracto presentó actividad antimicrobiana frente a *Staphylococcus aureus*, patógeno ampliamente relacionado con toxiinfecciones alimentarias, y *Pseudomonas aeruginosa*, relacionada con el deterioro de los alimentos.

En conclusión, las bacterias halófilas y halotolerantes constituyen una fuente relevante de BS de interés biotecnológico. Las propiedades de estos compuestos los posiciona como alternativas innovadoras a los tensioactivos sintéticos en la industria alimentaria. Además, su potencial actividad antimicrobiana refuerza su interés como agentes multifuncionales para mejorar la seguridad y estabilidad de los alimentos. En conjunto, estos resultados abren la puerta al desarrollo de soluciones biotecnológicas más sostenibles, seguras e innovadoras en industria alimentaria.

Palabras clave: Bacterias halófilas, biosurfactantes, biotecnología alimentaria

Financiación: Convenio Específico entre la Fundación Valle Salado y la UPV/EHU, Gobierno Vasco (PIBA23/06) y UPV/EHU (GIU21/021).



PS5-08

Estudio de las dinámicas poblacionales en fermentaciones mixtas para su potencial aplicación en bebidas de baja graduación alcohólica

Arce-Guerrero, M¹, Olañeta-Jainaga, A¹, García-Roldán, A^{1*}

¹Food Technology Department, Leartiker S. Coop., Xemein Etorbidea 12, 48270 Markina-Xemein, Spain
*aigarcia@leartiker.com

Resumen

La creciente demanda por los productos fermentados ha impulsado el uso de la fermentación como herramienta para el desarrollo de bebidas de baja graduación alcohólica. En este trabajo se han estudiado microorganismos no convencionales en la elaboración de bebidas, ya que su empleo en fermentaciones mixtas permite modular el grado alcohólico y sus propiedades organolépticas. Sin embargo, para obtener bebidas con las características deseadas, es esencial diseñar estrategias de inoculación que tengan en cuenta fenómenos de imposición, sinergia o neutralidad que condicionan las dinámicas poblacionales y la evolución del proceso fermentativo.

Se estudiaron cuatro consorcios microbianos (A–D) durante 10 días, empleando como medio de cultivo agua de peptona al 1% (m/m) suplementada con sacarosa:

- A) Coinoculación de *Saccharomyces cerevisiae*, *Lactiplantibacillus plantarum* y *Pichia kluyveri*, empleando inóculos del orden de 10^5 ufc/mL.
- B) Inoculación secuencial de *L. plantarum* (10^3 ufc/mL) y *P. kluyveri* (10^5 ufc/mL) en día 0 y *S. cerevisiae* (10^5 ufc/mL) en día 4.
- C) Coinoculación de *L. plantarum*, *S. cerevisiae* y un aislado de bacterias ácido-acéticas, empleando inóculos del orden de 10^6 ufc/mL.
- D) Inoculación secuencial de *Metschnikowia pulcherrima* y *Lachancea thermotolerans* en día 0 y *S. cerevisiae* en día 4, empleando inóculos del orden de 10^6 ufc/mL.

En todos los casos se estudió el efecto del pH (4.0, 5.5 y 7.0) y de la concentración de sustrato (50, 125 y 200 g/L sacarosa) sobre la fermentación. En los consorcios A y C se realizaron recuentos de células viables mediante siembra en placa en medios de cultivo selectivos como MRS y diferenciadores como YPD y WLNA los días 0, 6 y 10 y en los consorcios B y D los días 0, 4, 6 y 10.

S. cerevisiae se impuso sobre *P. kluyveri* en el consorcio A y sobre *M. pulcherrima* en el consorcio D y coexistió con *L. plantarum* (A) y *L. thermotolerans* (D). En ambos casos se observó una mayor tendencia a la imposición de *S. cerevisiae* a altas concentraciones de sacarosa. En el consorcio B, la estrategia de inoculación secuencial permitió distinguir un desarrollo inicial equiparable de *L. plantarum* y *P. kluyveri*, seguido de una imposición de *S. cerevisiae* sobre *P. kluyveri*. En contraste, el consorcio C mostró una interacción aparentemente simbiótica. No se ha observado un efecto significativo del pH inicial sobre la modulación de los consorcios estudiados.

En conclusión, la selección del consorcio microbiano, condiciones de fermentación y estrategia de inoculación son determinantes para controlar la dinámica poblacional. El estudio de estas dinámicas permite diseñar procesos estables y reproducibles aplicables en el desarrollo de nuevos alimentos.

Palabras clave: bebidas fermentadas, fermentaciones mixtas, levaduras, bacterias lácticas



PS5-09

Evaluación de microorganismos tradicionales y emergentes con potencial aplicación en fermentaciones de alta salinidad

García-Roldán, A.^{1*}, Arce-Guerrero, M.¹, Olañeta-Jainaga, A.¹

¹Food Technology Department, Leartiker S. Coop., Xemein Etorbidea 12, 48270 Markina-Xemein, Spain

*aigarcia@leartiker.com

Resumen

El empleo de sal a elevadas concentraciones es una estrategia de conservación ampliamente utilizada en la elaboración de diferentes productos alimentarios, como vegetales lactofermentados, salsas de pescado y soja o ciertos productos cárnicos. En este proceso, la sal juega un papel fundamental como conservante: al reducir la actividad de agua y aumentar la presión osmótica inhibe el desarrollo de microorganismos patógenos, generando un medio selectivo para el desarrollo de bacterias halotolerantes. La producción tradicional de estos alimentos se basa en este proceso, en el que se produce una fermentación espontánea por comunidades microbianas halotolerantes. En general, estas comunidades están bien caracterizadas, predominando bacterias ácido lácticas, levaduras y otras bacterias como *Tetragenococcus*. No obstante, la innovación y desarrollo de nuevos alimentos fermentados requiere de la identificación de microorganismos tradicionalmente no empleados para este fin, por lo que es necesario evaluar su potencial de aplicación en ambientes de alta salinidad. En este contexto, la tolerancia al estrés osmótico resulta un factor clave para su selección.

Se han identificado bacterias y levaduras de interés para su aplicación en fermentaciones de alta salinidad, como *Saccharomyces cerevisiae*, *Pichia kluyveri*, *Kluyveromyces marxianus* y *Lactiplantibacillus plantarum*, de los que se obtuvieron inóculos comerciales. Paralelamente, se obtuvieron aislados de bacterias lácticas procedentes de fermentación láctica de vegetales locales. Se seleccionaron puerros de cultivo local y se llevaron a cabo fermentaciones espontáneas con salmueras al 2% de sal. Las muestras se cultivaron en medio MRS-agar, y se aislaron colonias de bacterias ácido lácticas para su estudio. Además, se aislaron bacterias acéticas procedentes de kombucha empleando GYC-agar suplementado con etanol como medio selectivo. Estos microorganismos se enfrentaron a concentraciones de sal crecientes en un rango entre 0 y 10 % (p/v), y se construyeron curvas de crecimiento para determinar el crecimiento relativo para cada microorganismo y condición.

Los resultados muestran que el aislado de bacterias ácido lácticas y *L. plantarum* tienen un mayor grado de tolerancia a la sal y estrés osmótico, seguido por *K. marxianus*. Estos microorganismos mostraron valores de IC50 (concentración mínima para inhibir el 50% de la población) aproximados al 5,0 % de NaCl (p/v). *S. cerevisiae* mostró una tolerancia intermedia, con un valor de IC50 de $1,9 \pm 0,05$ %, seguido por las bacterias acéticas con $1,43 \pm 0,02$ %. Finalmente, *P. kluyveri* ha resultado ser el microorganismo más perjudicado por la presencia de sal, con un valor IC50 de $1,11 \pm 0,06$ %.

En conclusión, este trabajo demuestra el potencial de aplicación de bacterias ácido lácticas y levaduras como *K. marxianus* en la elaboración de nuevos alimentos mediante fermentación en elevadas concentraciones de sal, permitiendo desarrollar procesos más estables y seguros en la elaboración de nuevos alimentos fermentados.

Palabras clave: estrés osmótico, bacterias lácticas, microorganismos halotolerantes, vegetales lactofermentados



PS5-10

Potencial tecnológico de bacterias ácido-lácticas autóctonas aisladas de leches fermentadas artesanales para la industria alimentaria

Jara, J.^{1,2*}, Márquez, B.^{1,2}, Hernando, N.^{1,2}, Aragón, A.^{1,2}, Jurado, R.^{1,2}, Fernández, L.^{1,2}, Rodríguez, J.M.^{2,3}, Orgaz, B.^{1,2}

¹Sección Departamental de Farmacia Galénica y Tecnología Alimentaria, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro, s/n, 28040 Madrid, Spain; ²Instituto Pluridisciplinar, Universidad Complutense de Madrid, P.º Juan XXIII 1, 28040 Madrid, Spain; ³Sección Departamental Nutrición y Ciencia de los Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro, s/n, 28040 Madrid, Spain.

*josujara@ucm.es

Resumen

Las bacterias ácido-lácticas (BAL) presentan múltiples aplicaciones en la industria alimentaria debido a sus propiedades tecnológicas, su potencial probiótico, su actividad antimicrobiana frente a microorganismos patógenos y su papel esencial en la elaboración de alimentos fermentados. En diversas zonas rurales se siguen produciendo lácteos fermentados de forma tradicional, sin adición de cultivos iniciadores, donde la fermentación depende de los microorganismos autóctonos presentes en la materia prima y en el propio proceso de elaboración. En este contexto, las leches fermentadas tradicionales constituyen una fuente de BAL autóctonas con posible interés para su aplicación controlada y estandarizada. El objetivo de este trabajo fue estudiar las comunidades microbianas presentes en leches fermentadas artesanales con el fin de identificar y seleccionar BAL con características de interés tecnológico para el desarrollo de nuevos cultivos aplicables a alimentos fermentados.

Para ello, se analizaron tres muestras de leches fermentadas artesanales obtenidas en distintos mercados callejeros. Las muestras se sembraron en diversos medios de cultivo para el recuento microbiano y la selección de morfotipos representativos. Los aislados obtenidos se identificaron mediante secuenciación parcial del gen 16S rRNA y se genotiparon mediante RAPD-PCR, seleccionándose aquellos con perfiles únicos para evitar redundancias. Posteriormente, se caracterizaron en función de su capacidad acidificante, actividad proteolítica, capacidad espesante, potencial inhibidor frente a patógenos de interés alimentario, perfil de resistencia a antibióticos y producción de aminas biógenas.

Del total de aislados obtenidos, 20 correspondieron a mohos/levaduras y 26 fueron bacterianos. Estos últimos fueron identificados en su totalidad, estando representados principalmente por los géneros *Lactococcus* (n = 13), incluyendo *Lactococcus lactis*, *Lactococcus cremoris* y *Lactococcus garvieae*, y *Enterococcus* (n = 6). La caracterización de las BAL seleccionadas mostró una notable variabilidad en las propiedades tecnológicas evaluadas, así como en su capacidad para inhibir el crecimiento de patógenos de interés alimentario, incluyendo cepas de *Staphylococcus aureus* y *Serratia* spp. Además, los aislados presentaron perfiles de resistencia a antibióticos acordes, en general, con los valores de referencia establecidos por la EFSA, junto con capacidad de crecimiento en un rango de temperaturas de interés tecnológico. Estos resultados sugieren su potencial aplicación en la elaboración de distintos productos y en distintas matrices alimentarias.

En conjunto, las BAL obtenidas de productos fermentados tradicionales constituyen candidatos prometedores para el desarrollo de procesos de fermentación más seguros, controlados y estandarizados. Asimismo, podrían emplearse en el diseño de nuevos cultivos iniciadores que contribuyan a diversificar los productos fermentados y/o preservar las características organolépticas asociadas a alimentos tradicionales.

Palabras clave: Bacterias ácido-lácticas, lácteos fermentados, Tecnología Alimentaria, Cultivos iniciadores.

Financiación: Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, proyecto PID2022-139262OB-I00.



PS5-11

Diversity begets diversity in self-assembled microbial communities

Leon-Sampedro, Ricardo^{1,2*‡}; Estrela, Sylvie^{3,4,5‡}; Vila, Jean C. C.^{3,6}; Sanchez-Gorostiaga, Alicia^{3,7}; Diaz-Colunga, Juan^{1,3}; and Sanchez, Alvaro^{3,8}

¹Dairy Research Institute of Asturias (IPLA-CSIC), 33011 Oviedo, Spain; ²Biomedical Research Networking Center for Epidemiology and Public Health (CIBERESP), Spain; ³Department of Ecology and Evolutionary Biology & Microbial Sciences Institute, Yale University, New Haven, CT 06511, USA; ⁴Department of Bioengineering, Stanford University, Stanford, CA 94305, USA; ⁵Department of Nutrition, Texas A&M University, College Station, TX 77843, USA; ⁶Department of Biology, Stanford University, Stanford, CA 94305, USA; ⁷Instituto Madrileño de Investigación y Desarrollo Rural, Agrario y Alimentario (IMIDRA), Finca “El Encin”, A-2, Km 38, 2, 28805 Alcala de Henares, Spain; ⁸Department of Functional & Systems Biology, Institute of Functional Biology & Genomics (IBFG), CSIC & University of Salamanca, 37007 Salamanca, Spain

*ricardo.leon@ipla.csic.es

Summary

Microbial consortia support many biotechnological processes, but the ecological mechanisms shaping their diversity, a key driver of ecosystem health and function, remain not fully understood. The diversity begets diversity (DBD) hypothesis posits that high community diversity could promote further diversification within lineages, as community members may create new niches where additional species may be recruited.

Here, using soil-derived communities as a controlled model system, we assembled 742 microbial communities from eight inocula across 24 carbon-source environments to test this hypothesis under controlled conditions. We provide direct evidence of ubiquitous positive correlations between community diversity and focal lineage diversity. Diversity within dominant bacterial families increased consistently with the diversity of the surrounding community, exceeding expectations from null models accounting for environmental heterogeneity and stochastic sampling. Through simulations of consumer-resource models, we show that microbial cross-feeding interactions can result in, but do not always guarantee, the emergence of DBD patterns during community assembly.

Our results identify the metabolic structure required for diversity to reinforce itself during community assembly, providing ecological principles for understanding and designing stable multispecies consortia in microbial biotechnology.

Palabras clave: microbial communities; biodiversity; cross-feeding; consumer-resource models

Patrocinadores



Federation of European
Microbiological Societies



**Gijón
Xixón**



DISMED
DISTRIBUCIONES MÉDICAS
Y DE LABORATORIO

microbionics®



Condalab

Inspired by knowledge



Queso Cabrales

Consejo Regulador D.O.P.



close to you | cerca de ti

www.proquinorte.com



celtaingenieros



**CAJA RURAL
DE ASTURIAS**