



# ***Herramientas de secuenciación masiva de última generación aplicadas a la industria de los alimentos***

***Miércoles 13 de Junio de 2023***

***Dr. Juan Martín Oteiza***

***Neuquén, Argentina***

***[www.ciati.com.ar](http://www.ciati.com.ar)***

***[juano@ciati.com.ar](mailto:juano@ciati.com.ar)***





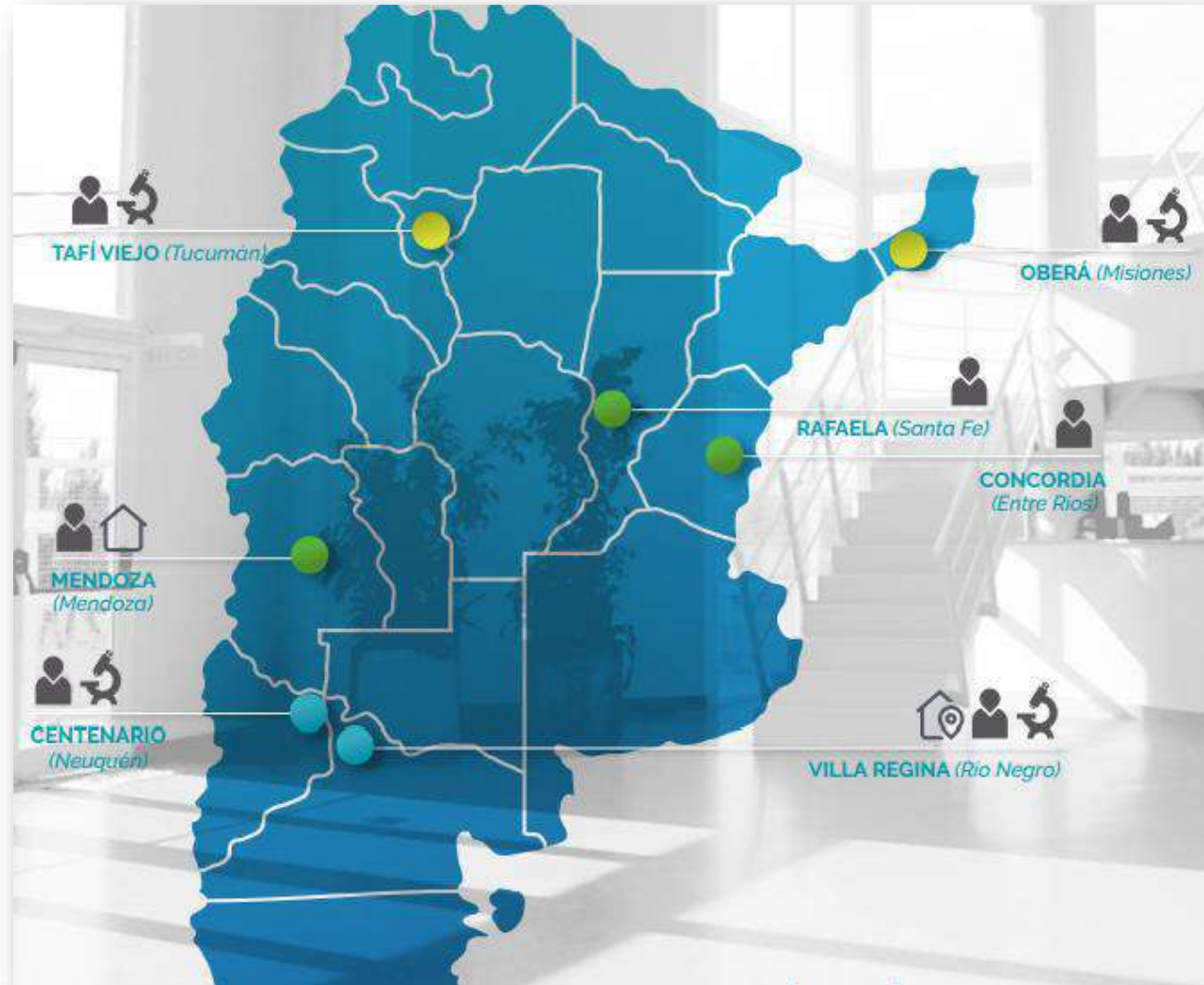
# ¿Qué es el CIATI?

Centro Tecnológico dedicado a la prestación de *servicios analíticos, investigación y asistencia técnica* para las industrias de alimentos, de ambiente e hidrocarburos y de agroquímicos.

Presencia en todas las **ECONOMÍAS REGIONALES**

**+120 PERSONAS**  
en el equipo de trabajo

**+20 DISCIPLINAS**  
profesionales en el  
equipo de trabajo



**51 SOCIOS**  
empresas, provincias de RN y  
NQN, INTA

**11 MEMBRESÍAS**  
en asociaciones nacionales e  
internacionales

Centro reconocido por el  
**CONICET**

## Indicadores de actividad

**+700 CLIENTES**  
*activos*

**+300 HORAS**  
*de capacitación  
brindadas por año*

**56 MÉTODOS ANALÍTICOS**  
*acreditados en ISO 17025 (ENAC)*

**+500 TIPOS DE MUESTRAS**  
*Incluidas en el alcance de los métodos acreditados  
en ISO 17025*



**+ 3.000 MUESTRAS**  
*analizadas por mes*

**+2.5 MILLONES**  
*de resultados generados por año*

**4,5 DÍAS/MUESTRA**  
*es el tiempo de respuesta  
promedio del último año*

# Matrices de trabajo (Alimentos)

## FRUTAS Y HORTALIZAS FRESCAS Y PROCESADAS

Productos frescos | Pulpas y jugos  
Deshidratados y conservas | Aromas  
Aceites esenciales | Cáscaras

## ALIMENTOS PROCESADOS

Alimentos listos para consumo | Golosinas  
Chocolates Polvos | Formulados para bebé

## VINOS Y OTRAS BEBIDAS ALCOHÓLICAS

Vino | Sidra  
Licores | Cervezas

## CARNES Y PRODUCTOS DE LA PESCA

Bovino | Ovino | Equino | Porcino  
Aves | Pescados

## TÉ Y YERBA

Otras hierbas | Infusiones

## INSUMOS Y ADHITIVOS ALIMENTARIOS

Uso agrícola, industrial, enológico  
Esencias | Colorantes  
Edulcorantes

## LÁCTEOS

Leches | Quesos  
Productos y subproductos

## PIENSOS

Mascotas | Pecuarios

## CEREALES Y OLEGINOSAS

Granos | Harinas | Aceites  
Subproductos

## OTROS

Aguas | Superficies



**Oberá (Misiones)**



**Mendoza**



**Tafí Viejo (Tucumán)**





***Villa Regina (Río Negro)***



*Cromatografía*





*Química de los alimentos*



*Centenario (Neuquén)*







*Microbiología de los alimentos*



*Microbiología de los alimentos*



*Ambiente e Hidrocarburos*



Creemos en la investigación aplicada para acompañar a la industria en su desarrollo para beneficio del país y su gente.



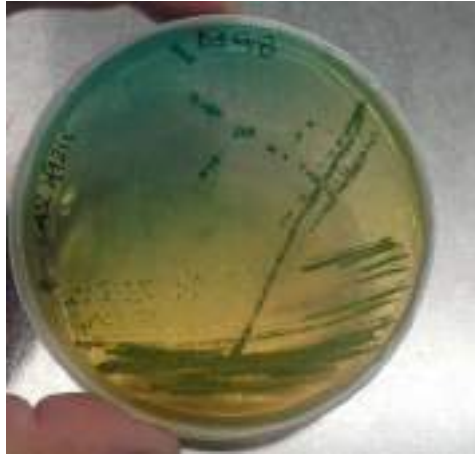
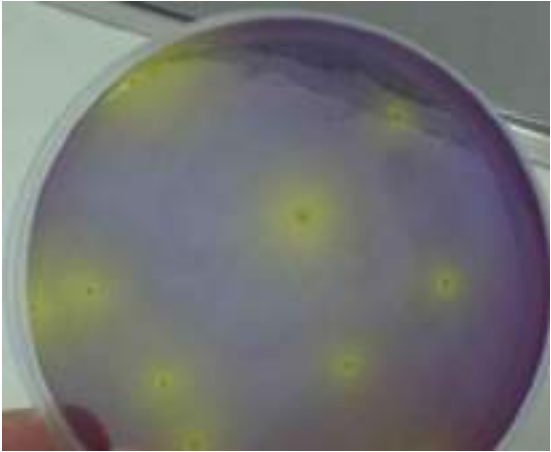
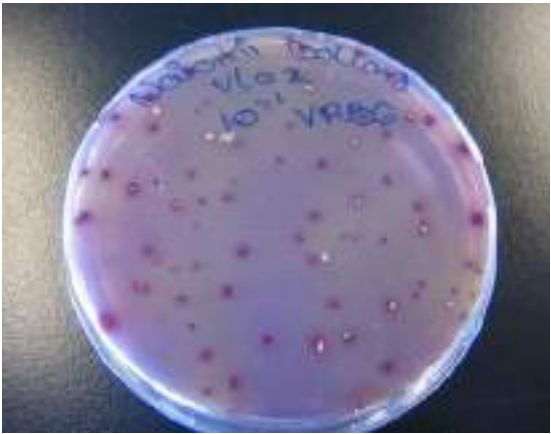


## *Análisis microbiológico de alimentos*



*¿Dónde estamos parados hoy?*

# Microbiología tradicional



# *Microbiología tradicional*





International  
Organization for  
Standardization

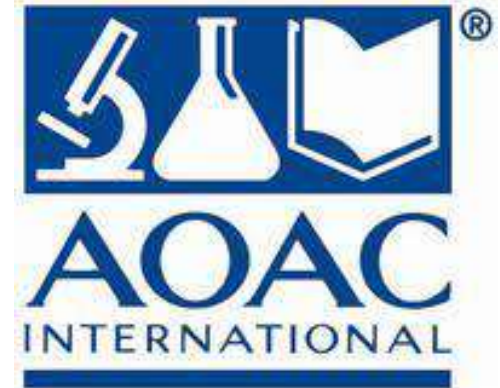


Instituto Argentino  
de Normalización  
y Certificación

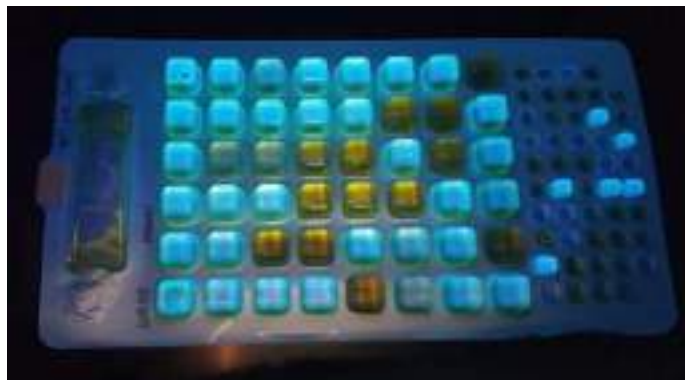
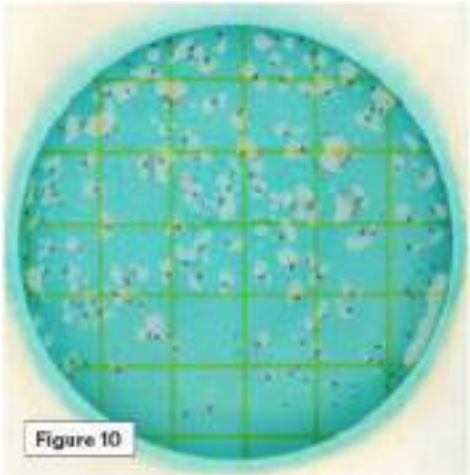


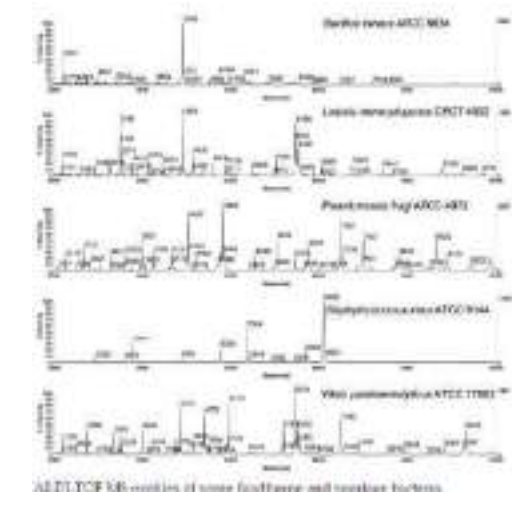
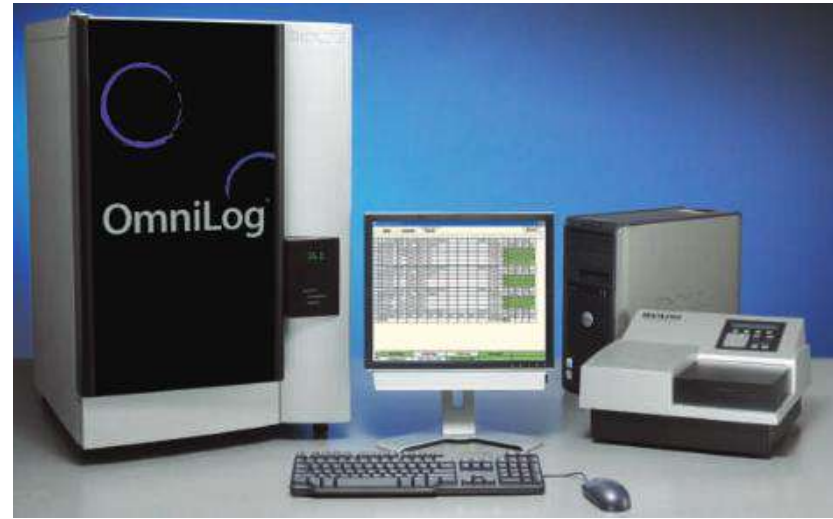
REGLAMENTO SANITARIO DE  
LOS ALIMENTOS

Actualizado al 05.07.2022



# Microbiología no-tradicional (rápida)





The diagnostic tools for viable but nonculturable pathogens in the food industry: Current status and future prospects

Current Perspectives on Viable but Non-culturable State in Foodborne Pathogens

*Se supone que gran parte de los microorganismos presente en el planeta, todavía no han podido ser cultivados por las técnicas habitualmente empleadas en los laboratorios de microbiología.*



## La materia oscura del universo microbiano



por Ignacio López-Goñi · 27/08/2013

<https://microbioblog.es/la-materia-oscura-del-universo>

# Scaling laws predict global microbial diversity

Kenneth J. Locey<sup>a,1</sup> and Jay T. Lennon<sup>a,1</sup>

<sup>a</sup>Department of Biology, Indiana University, Bloomington, IN 47405

Edited by David M. Karl, University of Hawaii, Honolulu, HI, and approved March 30, 2016 (received for review October 27, 2015)

## RESEARCH ARTICLE

Applied and Environmental Science  
September/October 2018 Volume 3 Issue 5 e00055-18  
<https://doi.org/10.1128/mSystems.00055-18>

## Phylogenetically Novel Uncultured Microbial Cells Dominate Earth Microbiomes

Karen G. Lloyd<sup>a</sup>, Andrew D. Steen<sup>b</sup>, Joshua Ladau<sup>c</sup>, Jungi Yin<sup>d</sup>, Lonnie Crosby<sup>d</sup>

estimate that uncultured genera and phyla could comprise  $7.3 \times 10^{29}$  (81%) and  $2.2 \times 10^{29}$  (25%) of microbial cells, respectively. Uncultured phyla were overrepresented in metatranscriptomes relative to

PLOS Biology | <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000106> February 4, 2019

## A census-based estimate of Earth's bacterial and archaeal diversity

Stilianos Louca<sup>1,2,3,4,\*</sup>, Florent Mazel<sup>3,5</sup>, Michael Doebeli<sup>3,4,6</sup>, Laura Wegener Parfrey<sup>3,4,5</sup>

Straub and colleagues [78] as a null model for 16S phylogenies. Based on our model, we predict that there should exist about  $2rN/0.03 \sim 10^{22} - 10^{23}$  OTUs (assuming  $N = 10^{30}$  [79])



*Diversity* 2018, 10, 46; doi:10.3390/d10020046

Review

## Microbial Diversity: The Gap between the Estimated and the Known

Luciana Cristina Vitorino<sup>\*✉</sup> and Layara Alexandre Bessa

*Liu et al. Microbiome* (2022) 10:76  
<https://doi.org/10.1186/s40168-022-01272-5>

## Opportunities and challenges of using metagenomic data to bring uncultured microbes into cultivation

Sijia Liu<sup>1,2</sup>, Christina D. Moon<sup>3</sup>, Nan Zheng<sup>1</sup>, Sharon Huws<sup>4</sup>, Shengguo Zhao<sup>1\*</sup> and Jiaqi Wang<sup>1\*</sup>



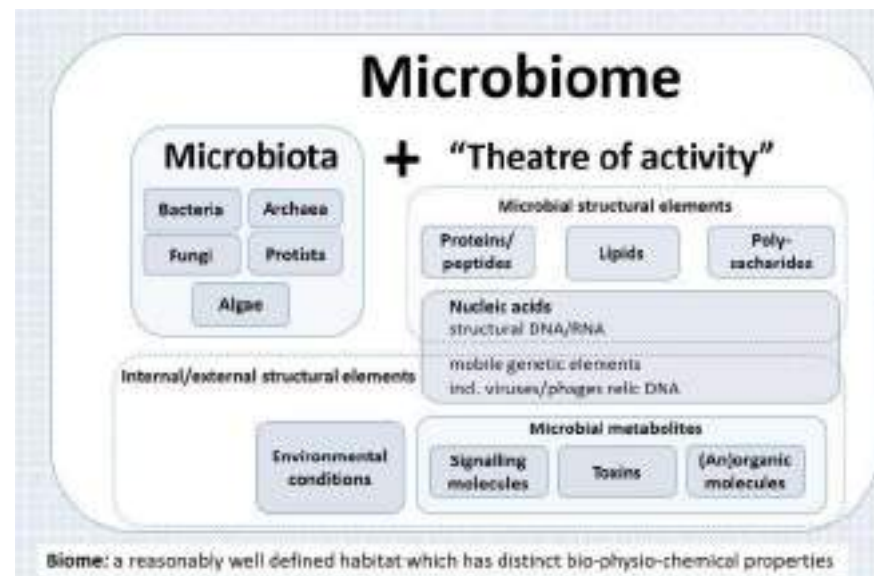
	SSU Ref
Version	138
Total	2,225,272
Bacteria	1,983,534
Archaea	69,198
Eukaryota	172,540
Cultured	39,316
Typestrains	24,444



La **microbiota** es la colección de organismos microbianos dentro de una comunidad, típicamente utilizada en referencia a un huésped animal. Se refiere a la taxonomía (nombre) de los microorganismos presentes. La más común es la microbiota digestiva.

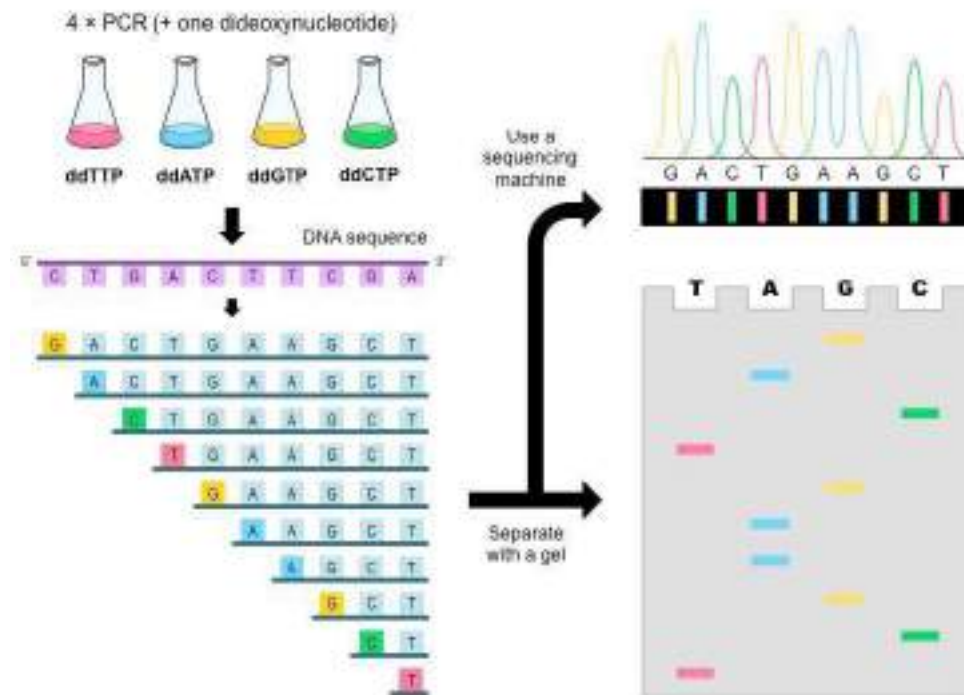
El **microbioma** es la colección de microorganismos y sus genes, que viven en un entorno particular. Se refiere a las bacterias y sus genes. El microbioma contiene tanto la microbiota, su «teatro de actividad» como las condiciones ambientales circundantes.

Finalmente, la **metagenómica** es la ciencia relacionada con los estudios de los genomas combinados de una comunidad de microorganismos, el **metagenoma**.



## Secuenciación por el método de Sanger (1ra generación):

- Emplea fragmentos de ADN de hasta 900 pb de longitud y los secuencian uno a la vez para luego ensamblarlos y formar secuencias más largas.
- Etapa de clonado de fragmentos.
- Altos costos.
- Poco eficiente para secuenciar genomas enteros grandes.
- Bajo rendimiento.
- Elevado tiempo de análisis.



**-DATO:** Secuenciar un genoma humano con Sanger demoró 10 años, implicó una inversión de 3.000 millones de dólares y 3000 científicos.

# *Secuenciación masiva (2da y 3ra generación)*

*High-Throughput Sequencing (HTS)*

- Conjunto de técnicas de alto rendimiento que permiten secuenciar millones de secuencias de ADN de forma masiva y en paralelo.*
- Permite secuenciar grandes cantidades de ADN (en pb).*
- Mayor velocidad de secuenciación.*
- Disminución de costos.*
- Genera una gran cantidad de información.*
- Demanda la aplicación de la bioinformática en el diagnóstico.*

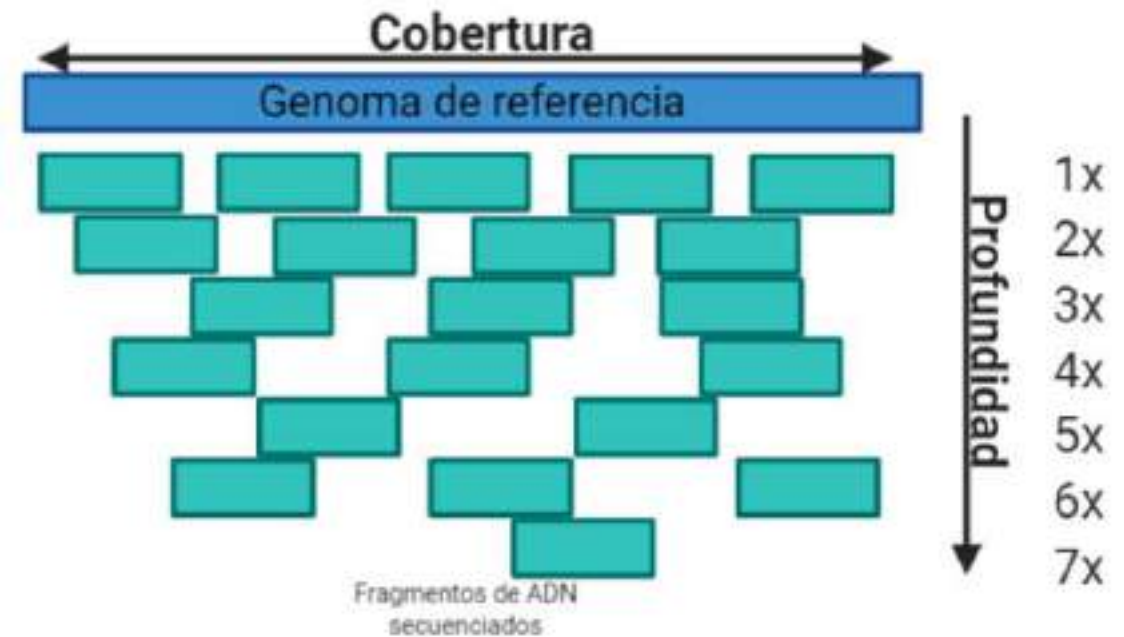
***-DATO:*** *Secuenciar un genoma humano con estas tecnologías demora 1 día, una inversión de menos de 1000 dólares y 1 técnico de laboratorio.*



*\*) Existe plataformas de HTS que emplean diversas técnicas de secuenciación (síntesis, liberación de protones, secuenciación de moléculas individuales, nanoporos, etc).*

*\*) En común comparten lo siguiente:*

- Reacciones paralelas
- Microescala
- Velocidad de secuenciación
- Bajo costo
- Simplicidad



*\*) Permiten estudiar los microorganismos presentes en una muestra (MICROBIOTA) a través de su material genético (METAGENOMA) sin **necesidad de hacer cultivo**.*

Secuenciación Masiva en Paralelo

**Secuenciadores de 2da generación**

**ThermoFisher**  
SCIENTIFIC



*Ion GeneStudio S5 Prime*

**Roche**



*GS Junior 454*

illumina



*MiSeq*

Secuenciación Molécula Única

**Secuenciadores de 3ra generación**

**PACBIO**



**Helicos**  
BioSciences Corporation



**OXFORD**  
**NANOPORE**  
Technologies



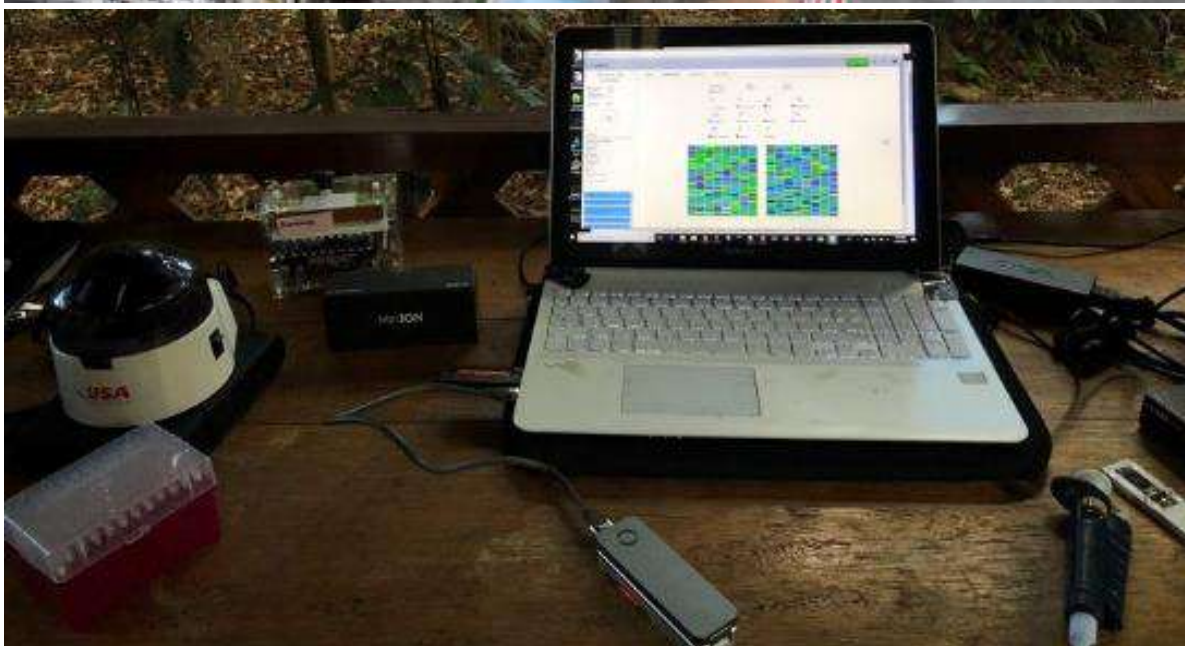
**MinION**

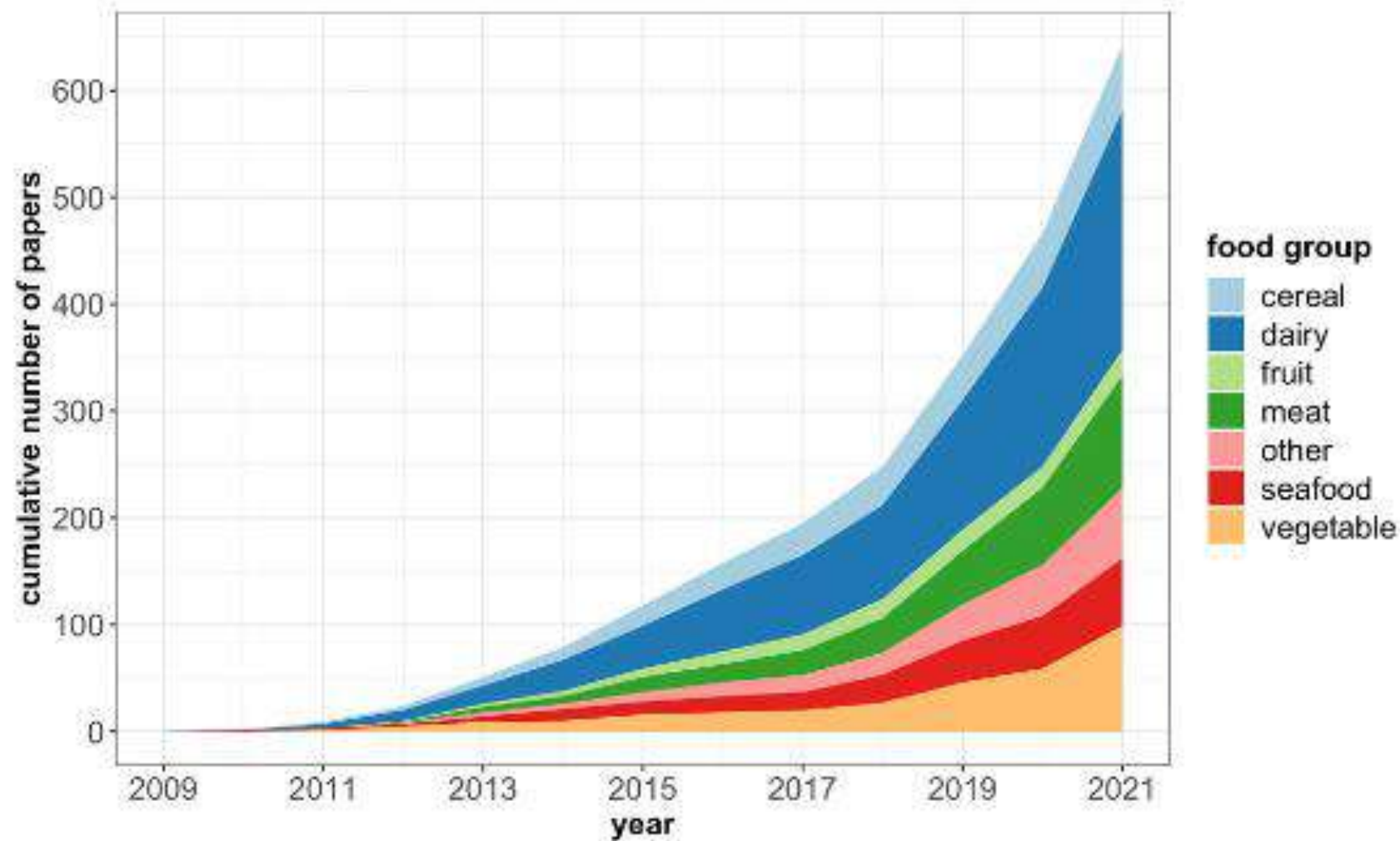


**SmidgION**

The SmidgION: A portable DNA sequencer that runs on an Iphone







**Fig. 1.** Cumulative number of papers using metataxonomic or metagenomic approaches for the study of food microbial communities. The data derive from a manually curated search on Web of Science™.

# DNA Sequencing Costs: Data

Cost per Raw Megabase of DNA Sequence



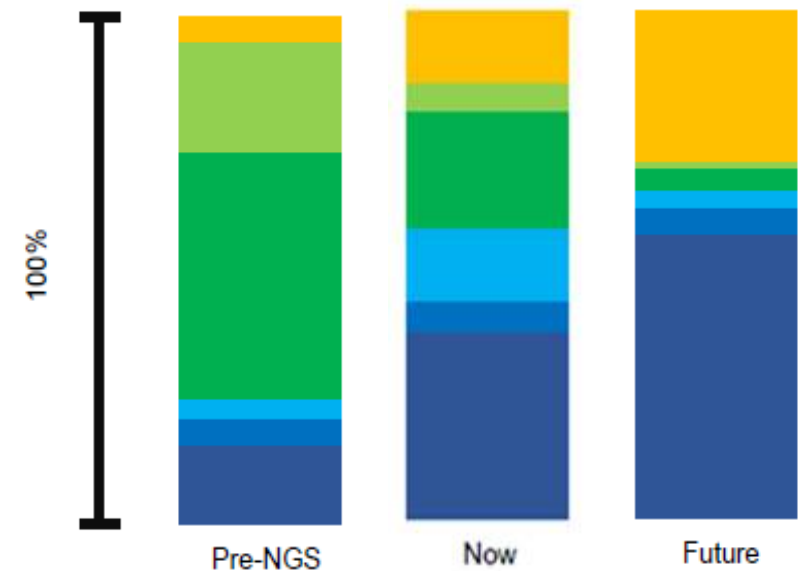
Secuenciación Sanger

Secuenciación Masiva de Lectura en Paralelo

Secuenciación Masiva de Molécula única

## Components of a sequencing experiment:

1. Experimental design and Sample collection.
2. Wet Lab:
  - Library Preparation.
  - Sequencing.
3. Bioinformatics:
  - Data reduction.
  - Data management.
  - Downstream analysis.





# China se acerca al hito de secuenciar genomas por menos de 100 euros

Y para lograrlo utilizaría una tecnología que adquirió de su mayor rival, EE. UU. El gigante chino BCI ha anunciado que a final de año empezará a vender su sistema personalizable a grandes centros genéticos con el que podrán decodificar el genoma de 100.000 personas al año por menos de 100 euros cada uno

por Antonio Regalado | traducido por Ana Milutinovic

02 Marzo, 2020



# Herramientas genómicas para el análisis de microbiota

September 2017 | Volume 9 | Article 1829

## A Review on the Applications of Next Generation Sequencing Technologies as Applied to Food-Related Microbiome Studies

Yu Cao<sup>1</sup>, Séamus Fanning<sup>1</sup>, Sinéad Proos<sup>2</sup>, Kieran Jordan<sup>3</sup> and Shabarinath Srikumar<sup>\*\*</sup>

<sup>1</sup>UCD-Centre for Food Safety, Science Centre South, University College Dublin, Dublin, Ireland, <sup>2</sup>Food for Health Ireland, Science Centre South, University College Dublin, Dublin, Ireland, <sup>3</sup>Taigasc, Food Research Centre, Fermoy, Ireland

The development of next generation sequencing (NGS) techniques has enabled researchers to study and understand the world of microorganisms from broader and deeper perspectives. The contemporary advances in DNA sequencing technologies have not only enabled finer characterization of bacterial genomes but also provided deeper taxonomic identification of complex microbiomes which in its genomic essence is the combined genetic material of the microorganisms inhabiting an environment, whether the environment be a particular body niche (e.g., human intestinal contents) or a food manufacturing facility niche (e.g., floor drain). To date, 16S rDNA sequencing, metagenomics and metatranscriptomics are the three basic sequencing strategies used in the taxonomic identification and characterization of food-related microbiomes. These sequencing strategies have used different NGS platforms for DNA and RNA sequence identification. Traditionally, 16S rDNA sequencing has played a key role in understanding the taxonomic composition of a food-related microbiome. Recently, metagenomic approaches have resulted in improved understanding of a microbiome by providing a species-level/strain-level characterization. Further, metatranscriptomic approaches have contributed to the functional characterization of the complex interactions between different microbial communities within a single microbiome. Many studies have highlighted the use of NGS techniques in investigating the microbiome of fermented foods. However, the utilization of NGS techniques in studying the microbiome of non-fermented foods are limited. This review provides a brief overview of the advances in DNA sequencing chemistries as the technology progressed from first, next and third generations and highlights how NGS provided a deeper understanding of food-related microbiomes with special focus on non-fermented foods.

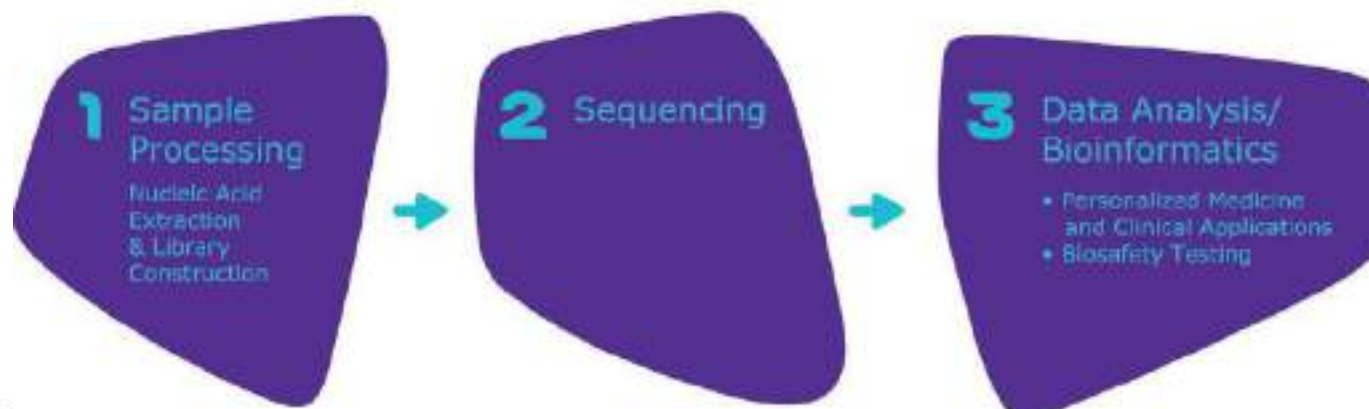
Keywords: next generation sequencing, food microbiome, 16S rDNA, metagenomics, metatranscriptomics

**\*) Secuenciación dirigida de amplicones (secuenciación 16s).**

**\*) Secuenciación aleatoria (metagenómica shotgun).**

**\*) Secuenciación de genomas completos (WGS).**

### Three Basic Steps of NGS



# Secuenciación dirigida

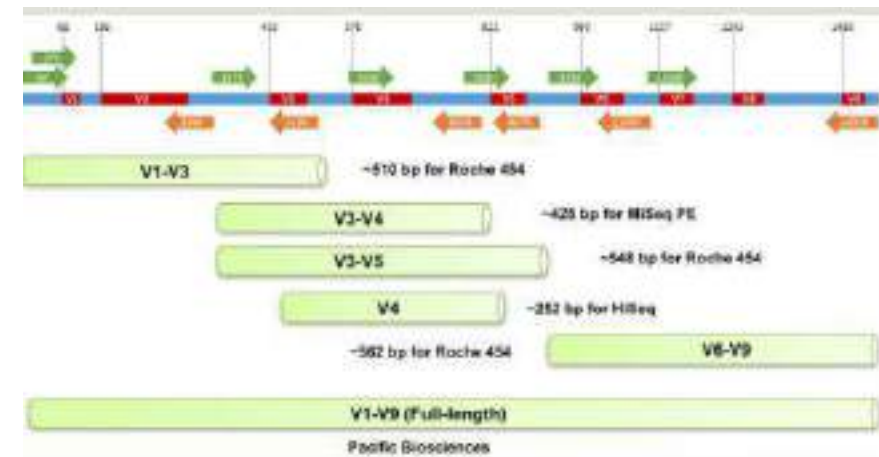
También conocido como *Metabarcoding* o *Secuenciación 16S/18S (o ITS)*

-Secuenciación de amplicones dirigidos (gen de la subunidad ribosomal 16S ARNr (bacterias y Archaeas), 18S ARNr (eucariotas), y regiones del espaciador ribosomal (ITS) para hongos).

-En bacterias, el tamaño del gen 16S es de aprox. 1.540 pb (dependiendo de la especie bacteriana) y posee 9 regiones hipervariables (específicas de cada género y especie).

-Información sobre género, especie y abundancia relativa de cada MO presente en la muestra (alimento y/o ambiente).

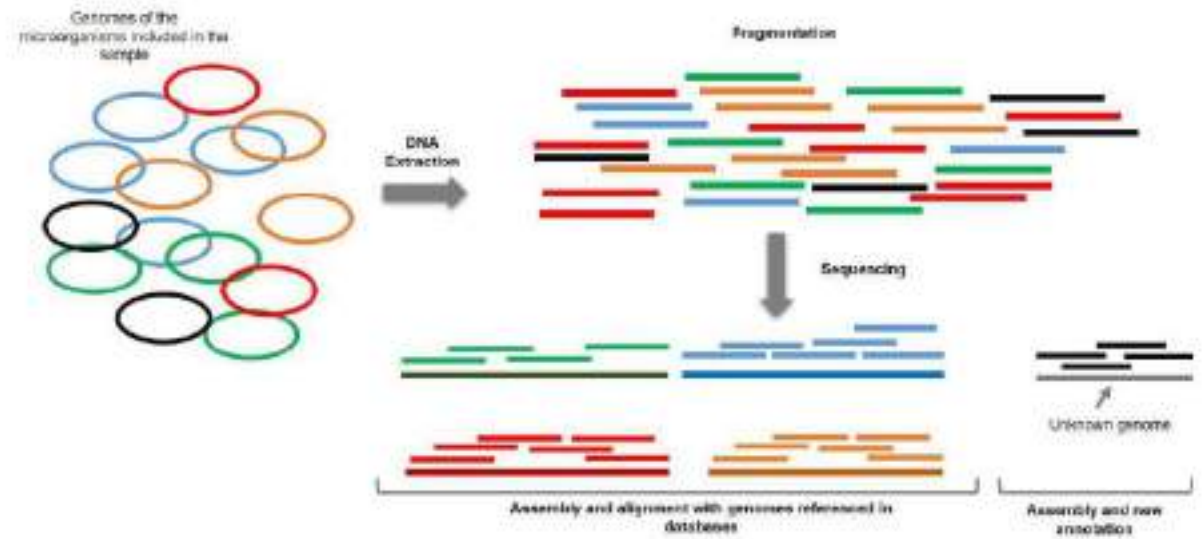
-No requiere de cultivo previo.



# Secuenciación aleatoria

También conocido como *Metagenómica Shotgun*

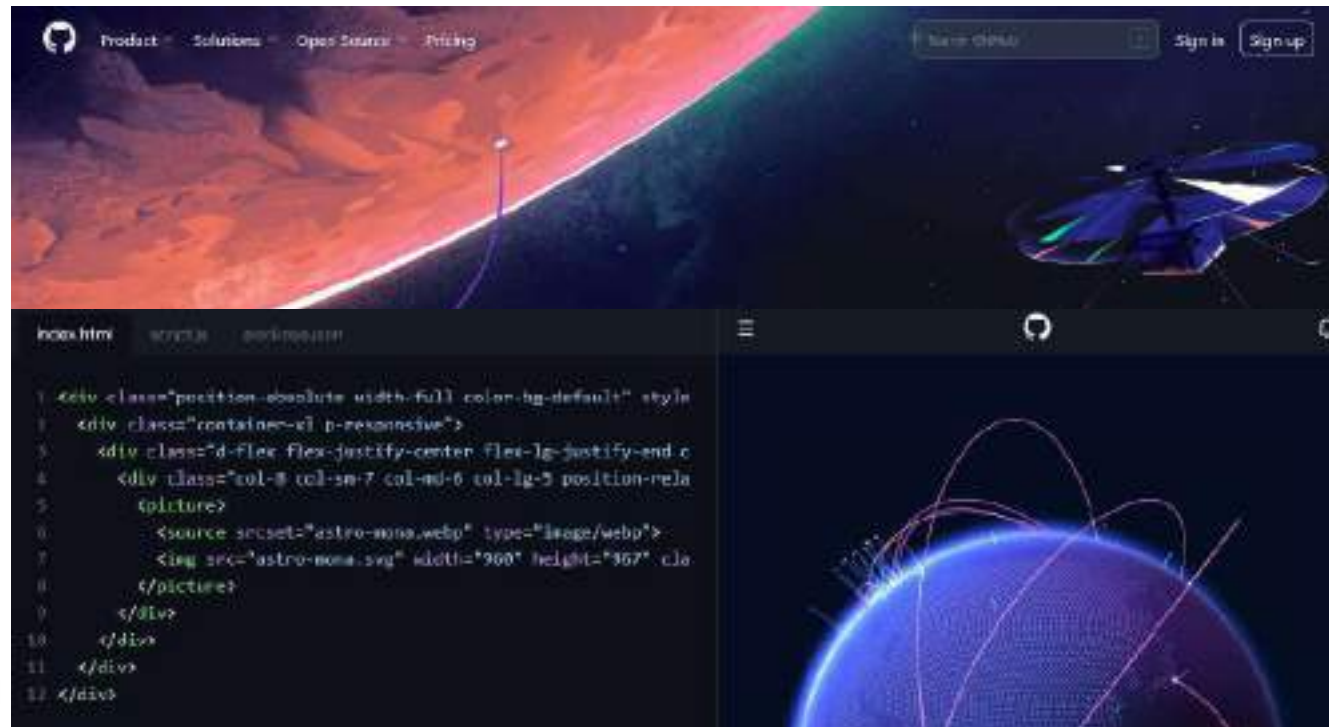
- Secuenciación de todo el ADN previamente fragmentado de manera aleatoria.
- Se obtiene información a nivel de cepa, genes de resistencia a antimicrobianos, factores de virulencia, funcionalidad y abundancia relativa de cada MO presente en la muestra (alimento y/o ambiente).
- Análisis bioinformáticos más complejos.
- Mayor costo que la secuenciación dirigida.
- No requiere de cultivo previo.



# Programas informáticos en código abierto



<https://sourceforge.net/>



<https://github.com/>

# Plataformas web con genomas depositados (curados y crudos)

**EnteroBase** A powerful, user-friendly online resource for analysing and visualising genomic variation within enteric bacteria

Log In Register Help v1.1.4

Genus	Total strains	Assemblies in progress	Schemes
<b>Salmonella</b>	395,712	154	cgMLST V2 + HierCC V1, Achtman 7 Gene MLST, rMLST, wgMLST
<b>Escherichia/Shigella</b>	250,198	131	Achtman 7 Gene MLST, cgMLST V1 + HierCC V1, rMLST, wgMLST
<b>Mycobacterium</b>	97,314	250	
<b>Streptococcus</b>	91,029	11	cgMLSTv1
<b>Clostridioides</b>	25,716	1	Griffiths 7 Gene, cgMLST V1 + HierCC V1, rMLST, wgMLST
<b>Vibrio</b>	15,276	0	rMLST, Vibrio cgMLST + HierCC

Database Home

# A Global Platform for Genomic Surveillance.



## Organisms

Pathogenwatch provides species and taxonomy prediction for over 60,000 variants of bacteria, viruses, and fungi.

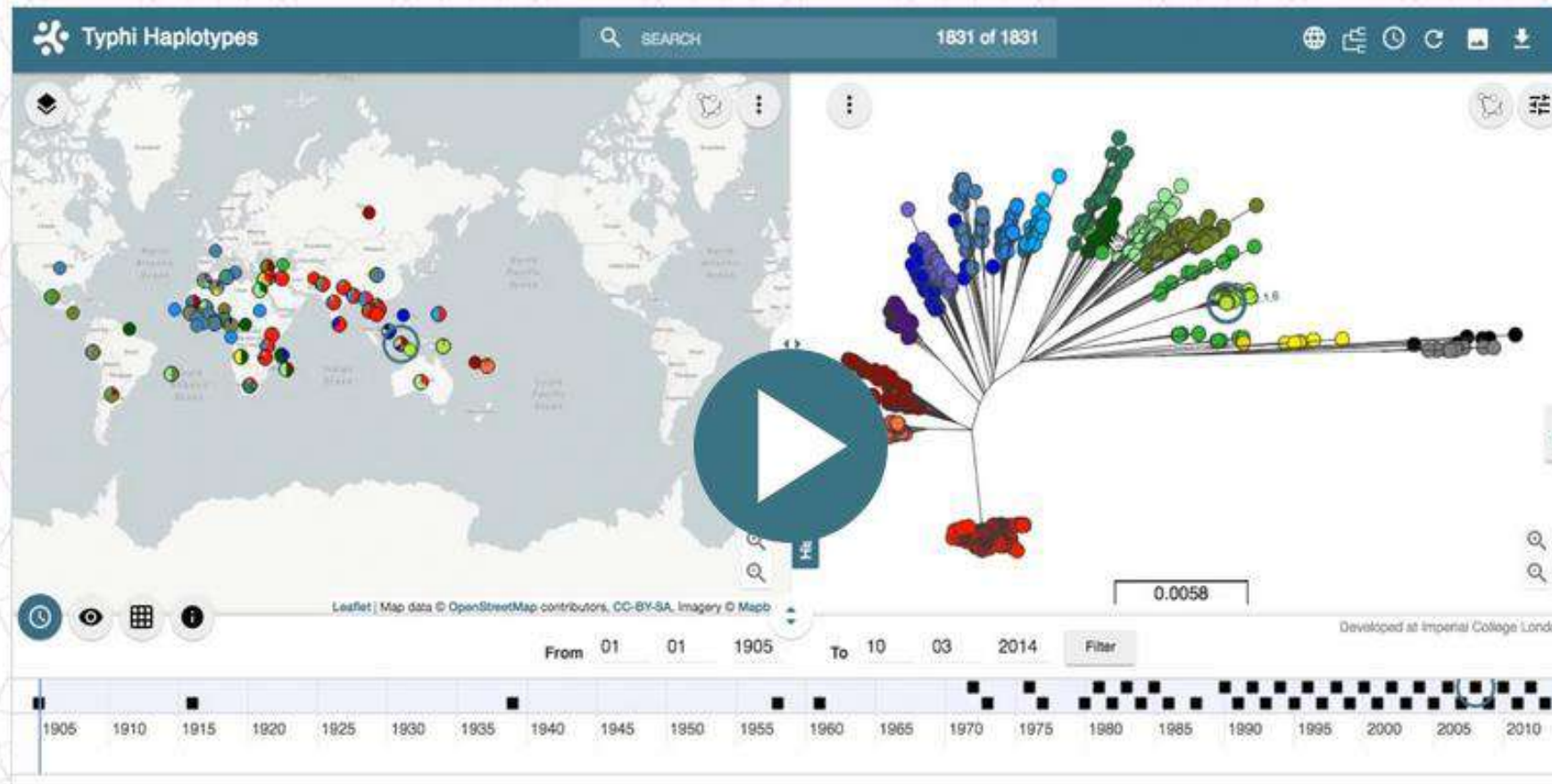
MLST prediction is available for over 100 species using schemes from [PubMLST](#), [Pasteur](#), and [Enterobase](#).

cgMLST calling and clustering is available for the following schemes:

<a href="#">Acinetobacter baumannii</a>	<a href="#">Campylobacter coli</a>	<a href="#">Campylobacter jejuni</a>
<a href="#">Candida auris</a>	<a href="#">Enterococcus faecium</a>	<a href="#">Escherichia</a>
<a href="#">Klebsiella pneumoniae</a>	<a href="#">Klebsiella quasipneumoniae</a>	<a href="#">Klebsiella varicola</a>
<a href="#">Listeria</a>	<a href="#">Mycobacterium africanum</a>	<a href="#">Mycobacterium bovis</a>
<a href="#">Mycobacterium canettii</a>	<a href="#">Mycobacterium tuberculosis</a>	<a href="#">Neisseria gonorrhoeae</a>
<a href="#">Neisseria meningitidis</a>	<a href="#">Salmonella enterica</a>	<a href="#">Shigella</a>
<a href="#">Staphylococcus aureus</a>	<a href="#">Vibrio cholerae</a>	

<https://pathogen.watch/>

# Open data visualization and sharing for genomic epidemiology







RefSeq

RefSeq

Search



## RefSeq: NCBI Reference Sequence Database

A comprehensive, integrated, non-redundant, well-annotated set of reference sequences including genomic, transcript, and protein.

### Using RefSeq

[About RefSeq](#)

[Human Reference Genome](#)

[Prokaryotic RefSeq Genomes](#)

[FAQ](#)

[NCBI Handbook](#)

[Factsheet](#)

### RefSeq Access

[Human Genome Resources and Download](#)

[RefSeq FTP](#)

[RefSeq genomes FTP](#)

[New RefSeq genomic \(last 30 days\)](#)

[New RefSeq transcripts \(last 30 days\)](#)

[New RefSeq proteins \(last 30 days\)](#)

### RefSeq projects

[Consensus CDS \(CCDS\)](#)

[RefSeq Functional Elements](#)

[RefSeqGene](#)

[Targeted Loci](#)

[Virus Variation](#)

[RefSeq Select](#)

### Announcements

March 14, 2023

**RefSeq Release 217 is available for FTP**

This release includes:

Proteins: 254,500,694

Transcripts: 50,975,429

Organisms: 130,837

Available at: <ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/release/>

Documentation [Release Notes](#)

### Related Links

[Assembly](#)

[Gene](#)

[Genome](#)

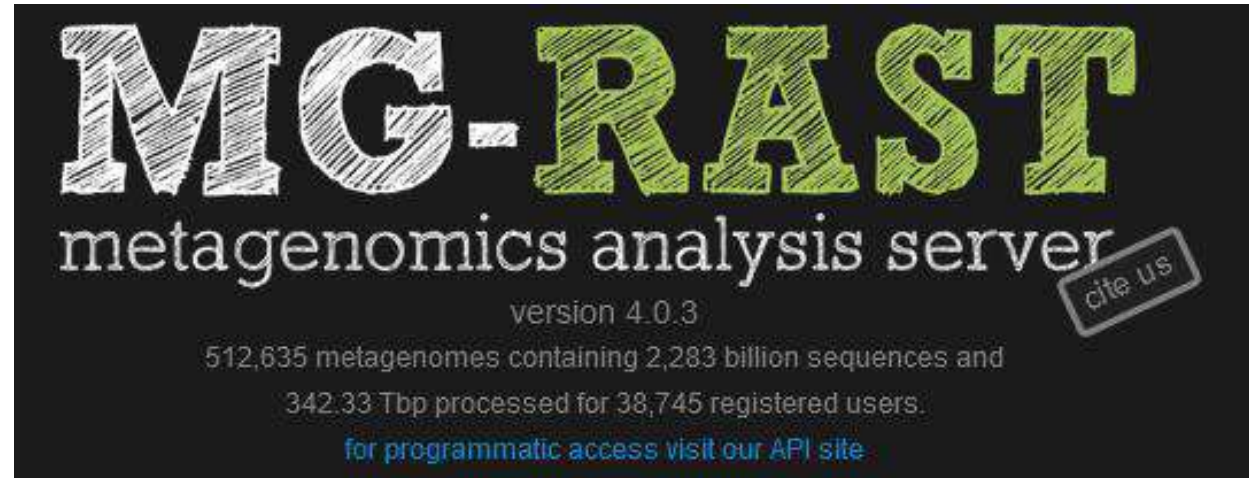
[Genome Data Viewer](#)

[Annotated Eukaryotic Genomes](#)

**Repositorio de genomas procariotas  
curados y anotados**



<https://www.imngs.org/>



<https://www.mg-rast.org/>



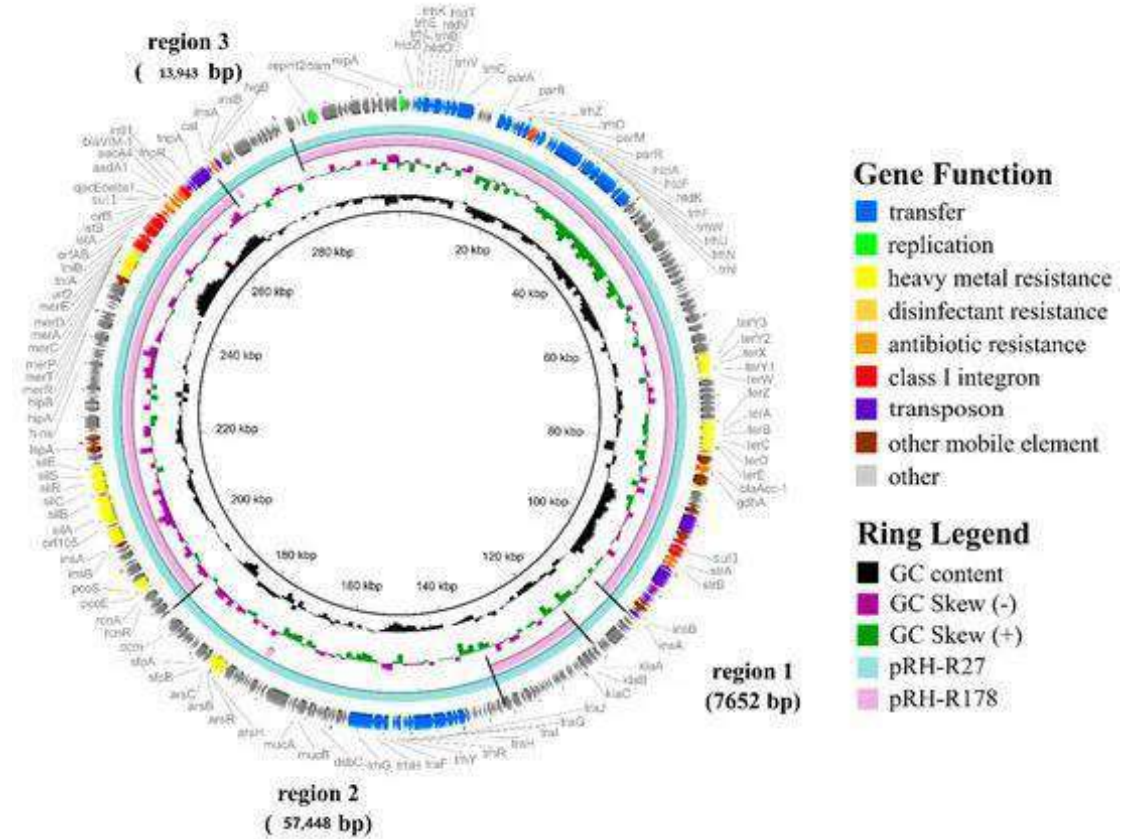
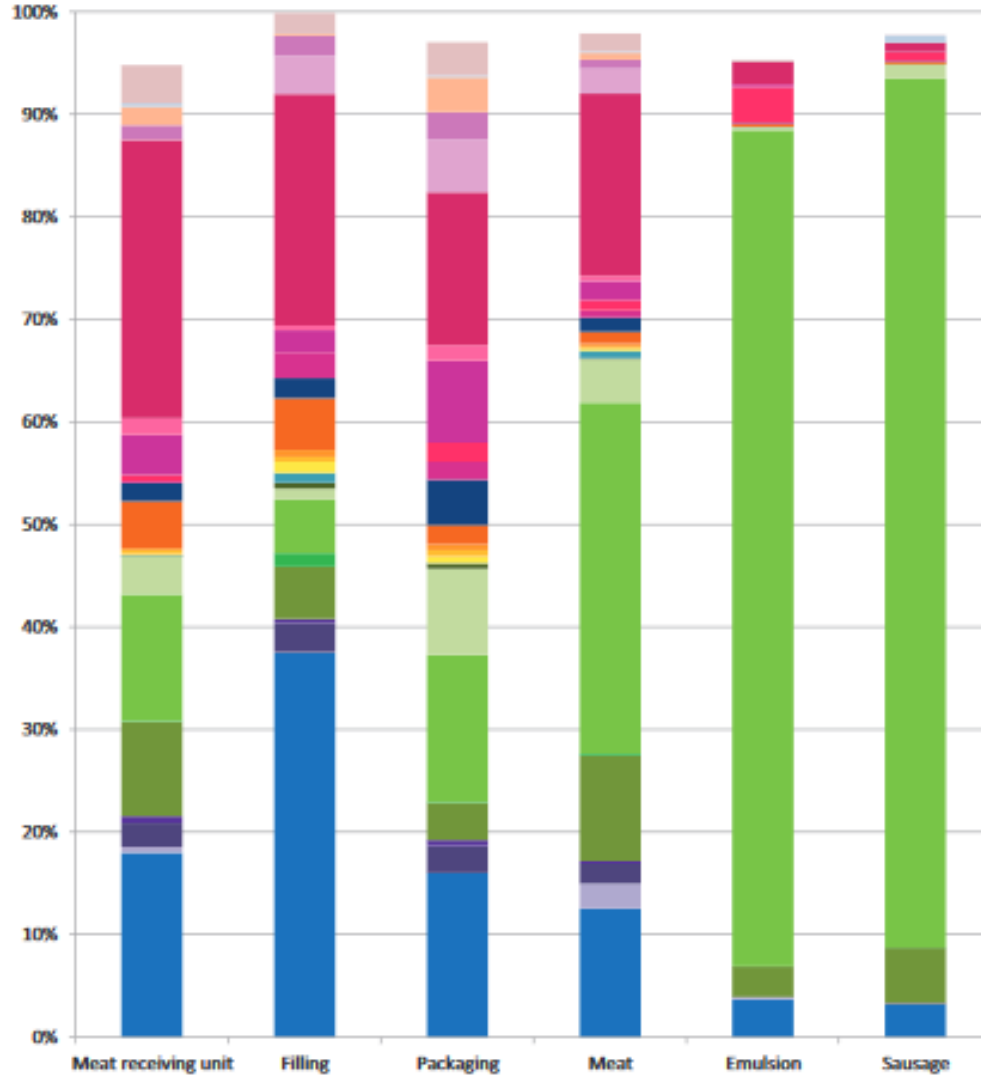
Or by selected biomes



[www.ebi.ac.uk/metagenomics/](http://www.ebi.ac.uk/metagenomics/)



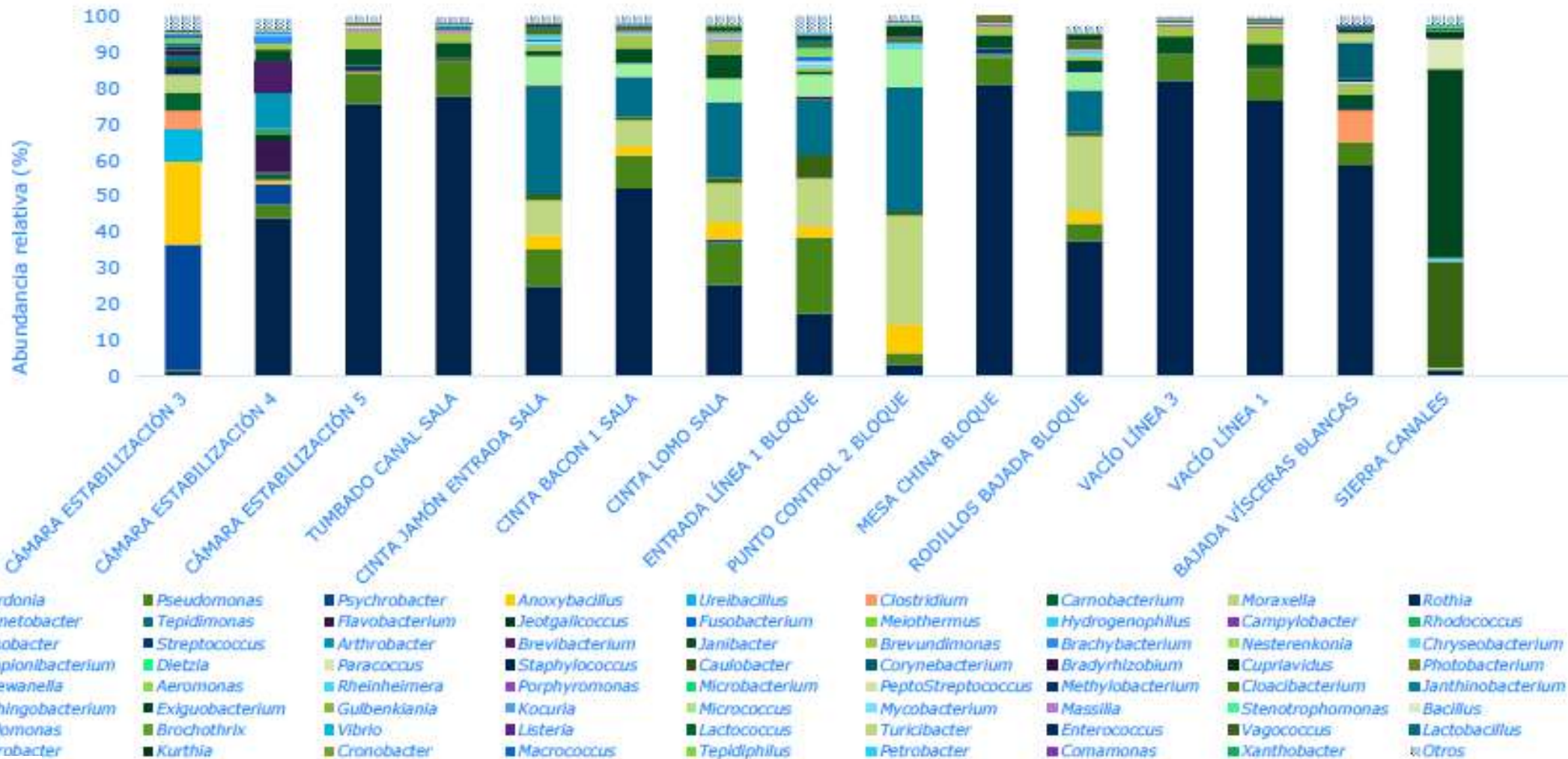
# Resultados





# Metagenómica en industria cárnica

## Proceso de producción – Muestras de superficies



Help About Tutorials News Contact Mailing List Team

Statistics API test finder TAXplorer Advanced search Isolation sources Download selection Web services

Total strains: 89,545  
Type strains: 16,105

Member of **de NBI** **elixir**

# BacDive

## Explore Bacterial Diversity

Search...

BacDive is the worldwide largest database for standardized bacterial information. Its mission is to mobilize and integrate research data on strain level from diverse sources and make it freely accessible. [Read more](#)



Scientific Electronic Library Online

Search articles, chapters or book reviews

SEARCH HISTORY




ScienceDirect

Journals & Books

Search for peer-reviewed journal articles and book chapters (including open access content)

Keywords Author name Journal/book title Volume Issue Page



Dialnet

Buscar Revistas Teoría Congressos

Buscar documentos

Buscar revistas

REVISTAS 11.707 DOCUMENTOS 8.297.486 ALERTAS 52.901.544 LIBRARIOS 2.512.384 TEBB 301.729



PubMed.gov

Search

Advanced

PubMed® comprises more than 38 million citations for biomedical literature from MEDLINE, life science journals, and online books. Citations may include links to full text content from PubMed Central and publisher web sites.



BASE  
Bielefeld Academic Search Engine

Search 312.609.863 documents from 13.194 content providers



ERIC  
Institute of Education Sciences

Collection Thesaurus

Search education resources

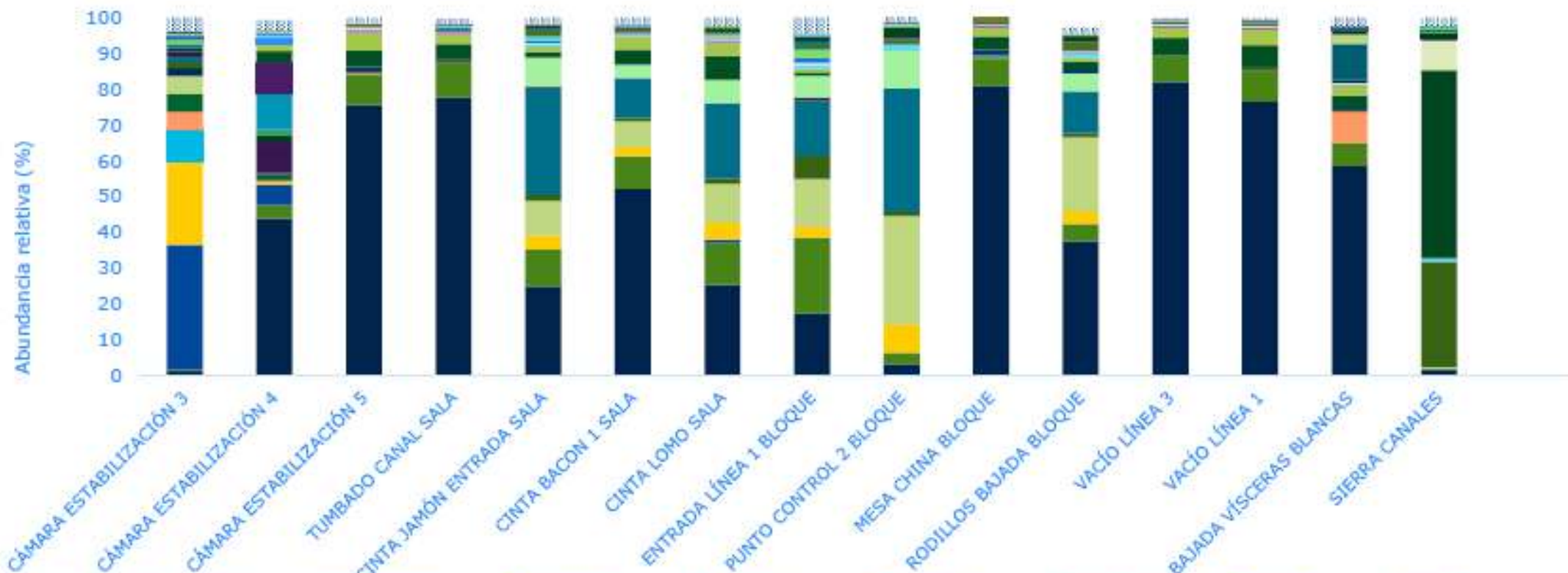
Search Advanced Search Tips

Peer reviewed only  Full text available on ERIC



# Metagenómica en industria cárnica

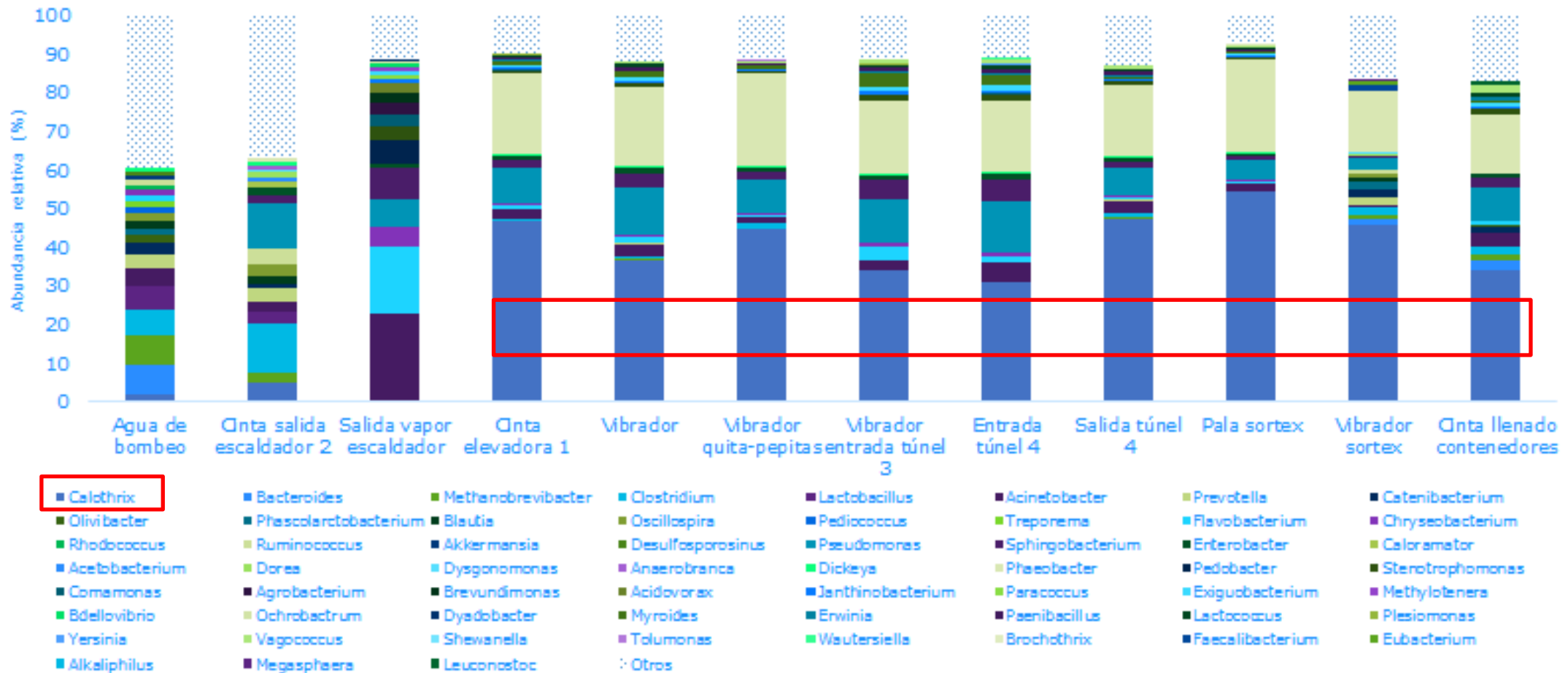
## Proceso de producción – Muestras de superficies



- |                            |                        |                         |                         |                         |                             |                           |                           |                            |
|----------------------------|------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-----------------------------|---------------------------|---------------------------|----------------------------|
| ■ <i>Gordonia</i>          | ■ <i>Pseudomonas</i>   | ■ <i>Psychrobacter</i>  | ■ <i>Anoxybacillus</i>  | ■ <i>Ureibacillus</i>   | ■ <i>Clostridium</i>        | ■ <i>Carnobacterium</i>   | ■ <i>Moraxella</i>        | ■ <i>Rothia</i>            |
| ■ <i>Adinetobacter</i>     | ■ <i>Peptidomonas</i>  | ■ <i>Flavobacterium</i> | ■ <i>Jeotgalicoccus</i> | ■ <i>Fusobacterium</i>  | ■ <i>Neisseria</i>          | ■ <i>Hydrogenophilus</i>  | ■ <i>Campylobacter</i>    | ■ <i>Rhodococcus</i>       |
| ■ <i>Lysobacter</i>        | ■ <i>Streptococcus</i> | ■ <i>Acetivibrio</i>    | ■ <i>Brevibacterium</i> | ■ <i>Janibacter</i>     | ■ <i>Brevundimonas</i>      | ■ <i>Brachybacterium</i>  | ■ <i>Nesterenkonia</i>    | ■ <i>Chryseobacterium</i>  |
| ■ <i>Propionibacterium</i> | ■ <i>Dietzia</i>       | ■ <i>Peracoccus</i>     | ■ <i>Staphylococcus</i> | ■ <i>Caulobacter</i>    | ■ <i>Corynebacterium</i>    | ■ <i>Bradyrhizobium</i>   | ■ <i>Cupriavidus</i>      | ■ <i>Photobacterium</i>    |
| ■ <i>Shewanella</i>        | ■ <i>Aeromonas</i>     | ■ <i>Rheinheimera</i>   | ■ <i>Porphyromonas</i>  | ■ <i>Microbacterium</i> | ■ <i>PeptoStreptococcus</i> | ■ <i>Methylobacterium</i> | ■ <i>Cloacibacterium</i>  | ■ <i>Janthinobacterium</i> |
| ■ <i>Cablogobacterium</i>  | ■ <i>Halomonas</i>     | ■ <i>Gulbenkiania</i>   | ■ <i>Kocuria</i>        | ■ <i>Micrococcus</i>    | ■ <i>Mycobacterium</i>      | ■ <i>Massilia</i>         | ■ <i>Stenotrophomonas</i> | ■ <i>Bacillus</i>          |
| ■ <i>Halomonas</i>         | ■ <i>Brochothrix</i>   | ■ <i>Vibrio</i>         | ■ <i>Listeria</i>       | ■ <i>Lactococcus</i>    | ■ <i>Turicibacter</i>       | ■ <i>Enterococcus</i>     | ■ <i>Vagococcus</i>       | ■ <i>Lactobacillus</i>     |
| ■ <i>Kurtzia</i>           | ■ <i>Kurtzia</i>       | ■ <i>Cronobacter</i>    | ■ <i>Macrocooccus</i>   | ■ <i>Tepidiphilus</i>   | ■ <i>Petrobacter</i>        | ■ <i>Comamonas</i>        | ■ <i>Xanthobacter</i>     | ■ <i>Otros</i>             |

# Caracterización microbiológica

## Proceso de producción de vegetales ultracongelados



*Aparición de Calothrix: Formador de biofilms...Listeria podría sumarse a ese biofilm?*



## Environmental microbiome mapping as a strategy to improve quality and safety in the food industry

Francesca De Filippis<sup>1,2</sup>, Vincenzo Valentino<sup>1</sup>, Avelino Alvarez-Ordóñez<sup>3,4</sup>, Paul D Cotter<sup>5,6</sup> and Danilo Ercolini<sup>1,2</sup>



In food industries, an environmentally-adapted microbiome can colonize the surfaces of equipment and tools and be transferred to the food product or intermediates of production. These complex microbial consortia may include microbial spoilers, pathogens, as well as beneficial microbes.

Advances in sequencing technologies and metagenomics provide the opportunity to map the environmental microbiome in food industries at an unprecedented depth, highlighting the importance of the resident microbial communities in influencing food quality and safety, as well as the main factors shaping its composition and activities. However, specific technical issues must be considered. Although microbiome mapping in the food industry has the potential to revolutionize food safety and quality management systems, its application as routine practice is still challenging and technical issues limit the exploitation of the powerful information that can be obtained by the application of such state-of-the-art approaches.

### Addresses

<sup>1</sup> Department of Agricultural Sciences, University of Naples Federico II, Pavia, 80131, Italy

<sup>2</sup> Task Force on Microbiome Studies, University of Naples Federico II, Naples, 80133, Italy

<sup>3</sup> Department of Food Hygiene and Technology, Universidad de León, León, Spain

<sup>4</sup> Institute of Food Science and Technology, Universidad de León, León, Spain

<sup>5</sup> APC Microbiome Ireland, University College Cork, Cork, Ireland

<sup>6</sup> Teagasc Food Research Centre, Moorepark, Fermoy, Cork, Ireland

Corresponding author: Ercolini, Danilo ([ercolini@unina.it](mailto:ercolini@unina.it))

Current Opinion in Food Science 2021, 39:168–178

This review comes from a themed issue on Food microbiology edited by Antonsson Bort-Åke

For complete overview of the sector, please refer the article collection Food Microbiology

Available online 29 December 2021

<https://doi.org/10.1016/j.cofs.2021.10112>

2214-7863/2021 The Authors. Published by Elsevier Ltd. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

environmentally-adapted microbiome can colonize the surfaces of equipment and tools and be transferred to the food product or intermediates of production during handling, manufacture, processing and storage. Indeed, food contact surfaces often represent a good niche for microorganisms to persist and, indeed, proliferate. Moreover, surfaces that are not in direct contact with foods are also potential reservoirs of microbes, which over a longer term can be sources of food contamination. Although frequent cleaning and disinfection procedures are routinely implemented in all food industries, it is recognized that these are not always effective in eliminating the resident microbial consortia specific to each food plant [1]. Such microbial populations are well-adapted to the specific environmental conditions that they are exposed to and tend to develop, often as biofilms, on surfaces that are particularly difficult to clean due to challenges relating to access, surface irregularities or the creation of sticky materials. These microbes can then proliferate due to the availability of food residues and exudates in such micro-environments and can ultimately represent a possible source of pathogens or spoilage-associated microbes that can lead to cross-contamination of foods.

In the last decade, metagenomics has begun popular for microbiome mapping in food handling or processing facilities (Table 1). This approach has been primarily applied in dairies and, to a lesser extent, raw meat processing environments (e.g. butchers, facilities producing fresh sausages). All these studies clearly showed that food processing environments are inhabited by a resident microbiome that persists despite routine cleaning practices and may be easily transferred to the final food product. Indeed, the studies to date suggest that most of the taxa found in processing environments are also found in food products produced in that facility (Table 1).

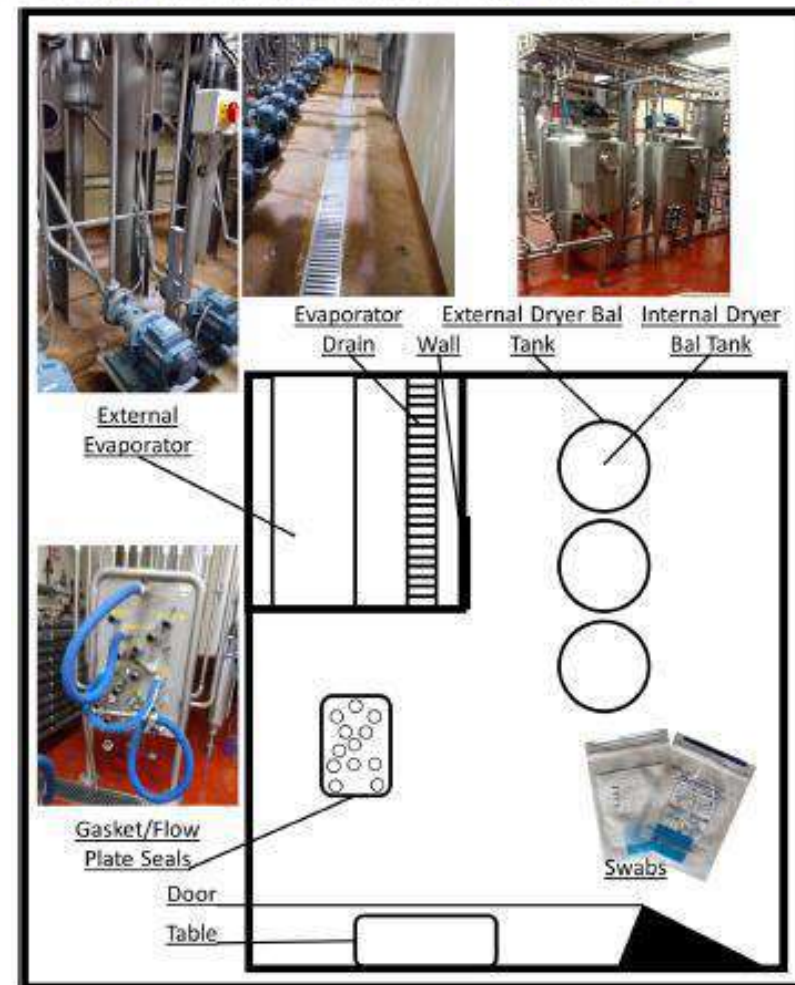
The environmental microbiome may represent a primary source of contamination in facilities where fresh products are produced or handled, such as raw meat and fish [18,19,20,23], ready-to-eat, composite meals [21] and fresh

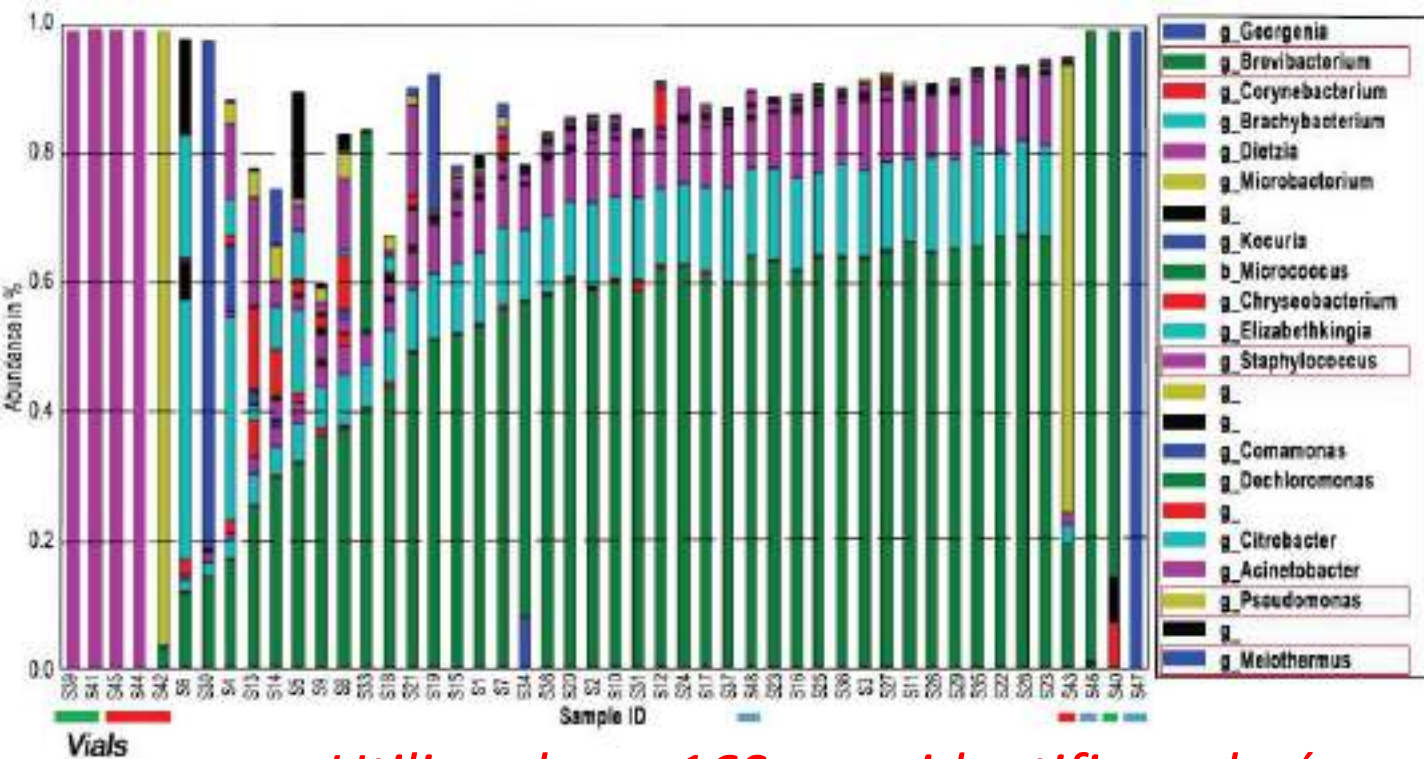
ARTICLE OPEN



## Microbiome-based environmental monitoring of a dairy processing facility highlights the challenges associated with low microbial-load samples

Ashli J. McHugh<sup>1,2</sup>, Min Yao<sup>1,2</sup>, Fiona Crispie<sup>1,3</sup>, Conor Feakihy<sup>1,3</sup>, Colin Hill<sup>4,5</sup> and Paul D. Cotter<sup>1,3,6</sup>



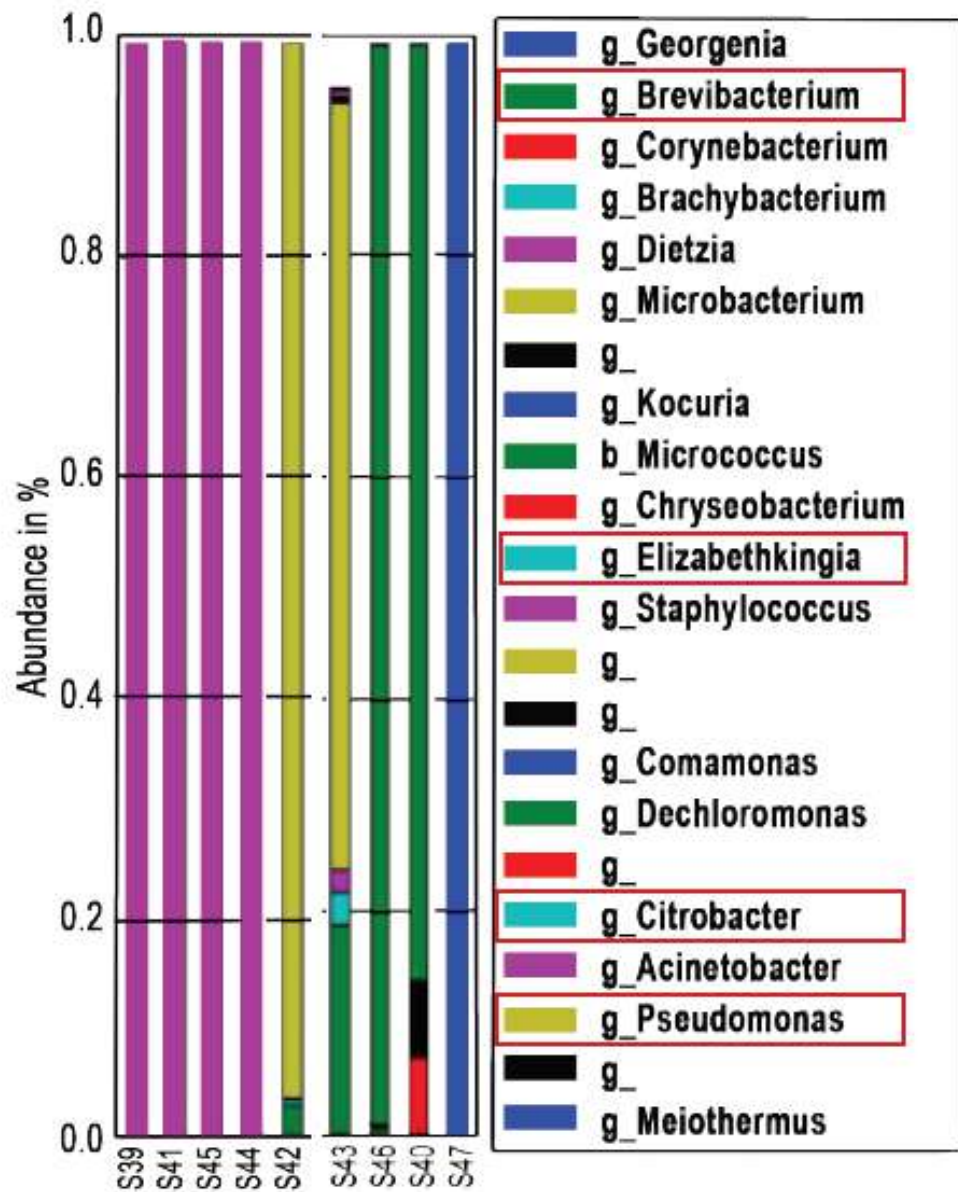


Secuenciación bacteriana



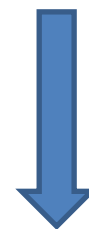
16S Metagenomic Sequencing Service

*Utiliza el gen 16S para identificar el género y la especie los MO presentes en una muestra.*



**Bacterias presentes en muestras deterioradas (n=9)**

*Staphylococcus*  
*Pseudomonas*  
*Meiothermus*  
*Brevibacterium*



*Interpretación del microbiólogo*

## Bacterias presentes en muestras ambientales (n=11)

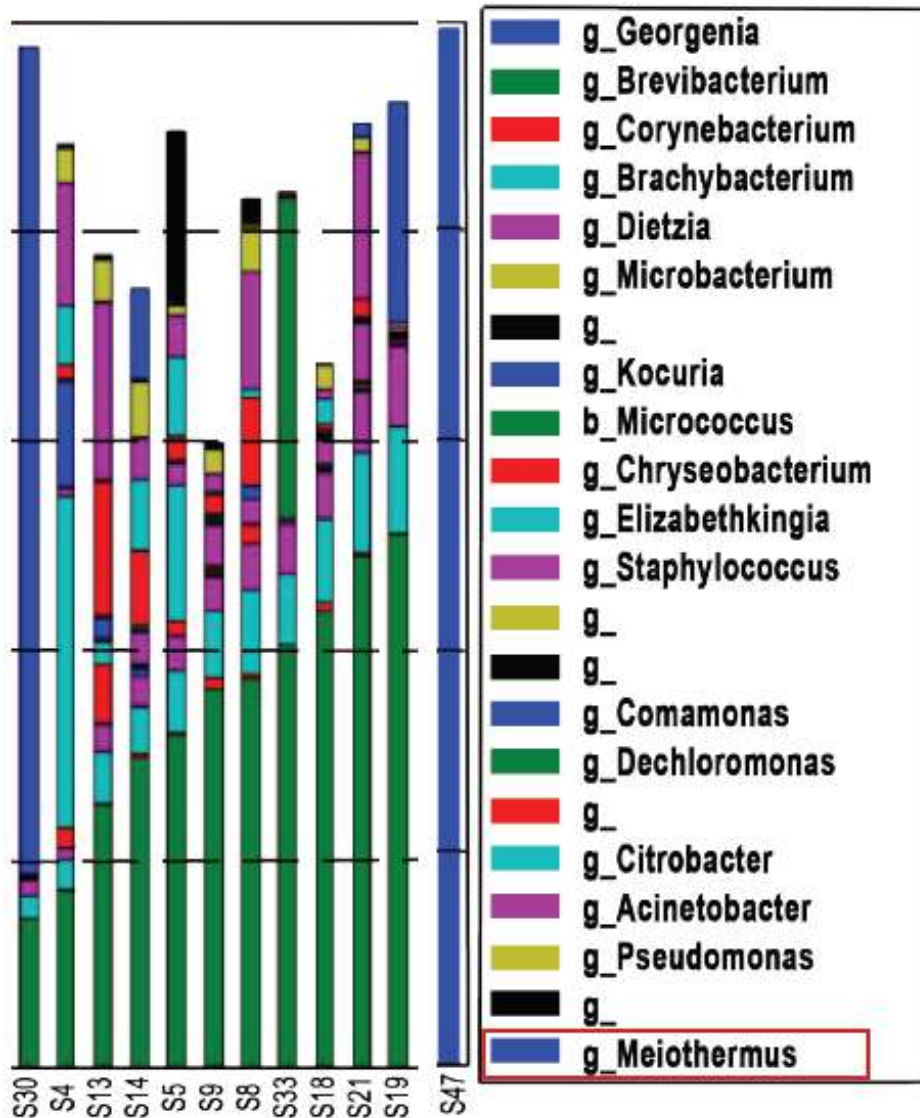
### *Meiothermus* spp.

-) *Correlación entre los puntos S30 (baño de agua caliente), S19 (mesada de trabajo), S4 (desagüe) y muestras deterioradas.*

-) *Mo termófilo*

-) *Formador de biofilms*

-) *Resistente a ciertos sanitizantes*









-Recuento de BAL:  $10^6$  UFC/ml  
 -Recuento de BAA:  $10^5$  UFC/ml



-Identificación de una colonia



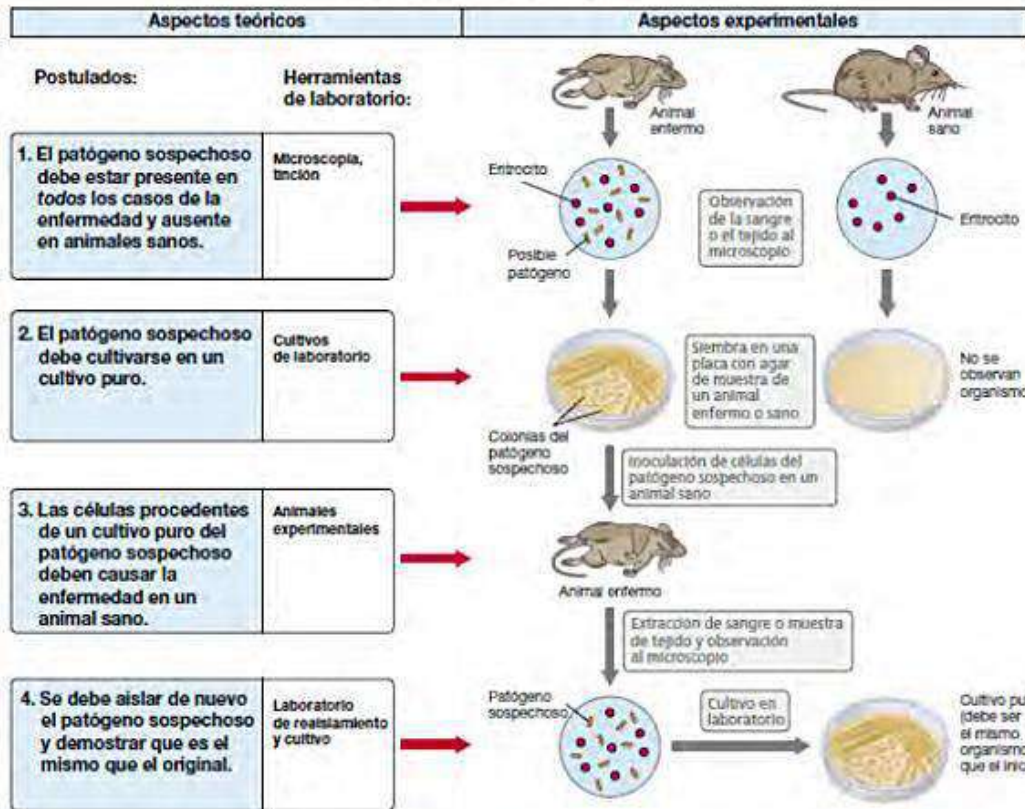
### Identificación microbiana

Método: Espectrometría de masa - MALDI-TOF

Lactobacillus plantarum



### POSTULADOS DE KOCH



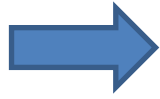
Control Inoculado c/Lp

**No se cumplieron los postulados de Koch!!**



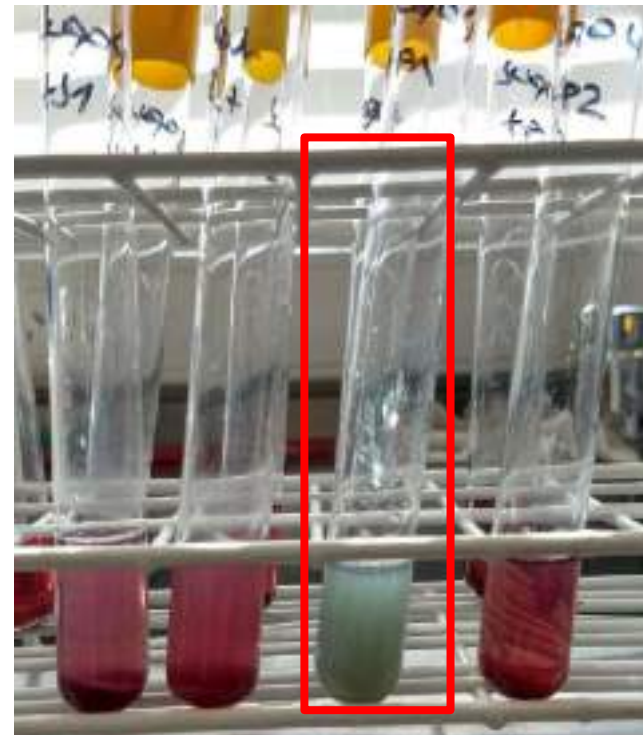


Muestra 2 Muestra 1



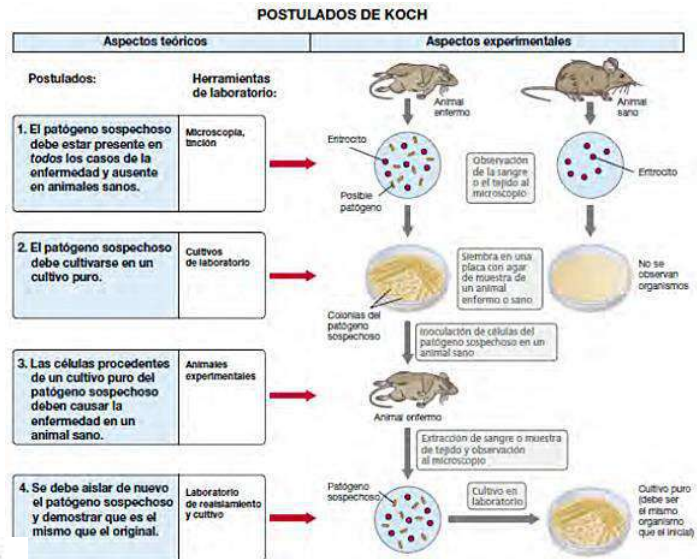
**Ensaio:** DMD Bactéria - Sequenciamento de alto desempenho - gene 16S rRNA região V3-V4

Identificação	Número de sequências de DNA	Proporção por amostra (%)
<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	898	39,30
<i>Lactobacillus casei</i>	428	18,73
<i>Leuconostoc pseudomesenteroides</i>	385	16,85
<i>Lactobacillus diolivorans</i>	303	13,26
<i>Acetobacter peroxydans</i>	170	7,44
<i>Lactobacillus plantarum</i>	37	1,62
<i>Lactobacillus buchneri</i>	36	1,58
<i>Lactobacillus uvarum</i>	28	1,23



Inoculado con jugo deteriorado

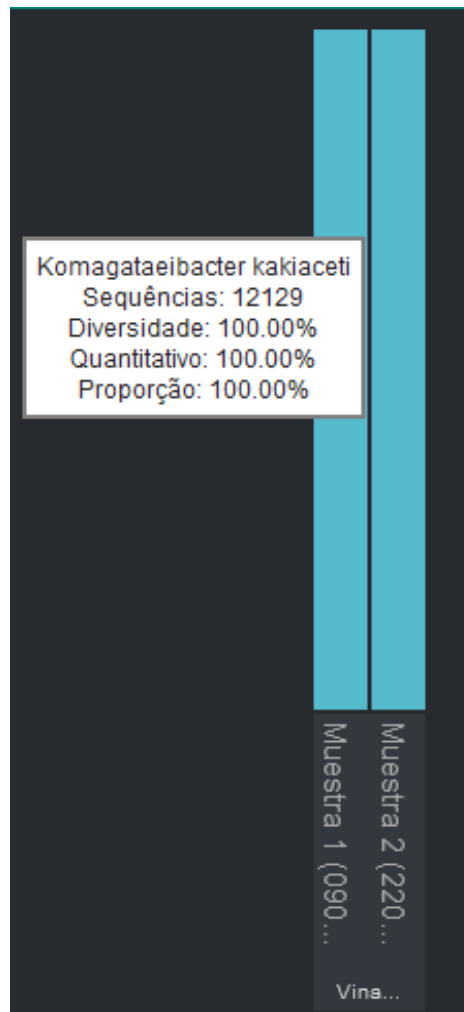
*Se cumplieron los postulados de Koch!!*







Muestra 1 Muestra 2



- Muestra 2 (220221)
- Muestra 1 (090221)



# Komagataeibacter kakiaceti

Ref.: 20215 Family Acetobacteraceae

## Isolation, sampling and environmental information

Ref.: 17491	Sample type/isolated from	kaki vinegar
Ref.: 17491	Geographic location (country and/or sea, region)	Kumamoto Prefecture
Ref.: 17491	Country	Japan
Ref.: 17491	Continent	Asia

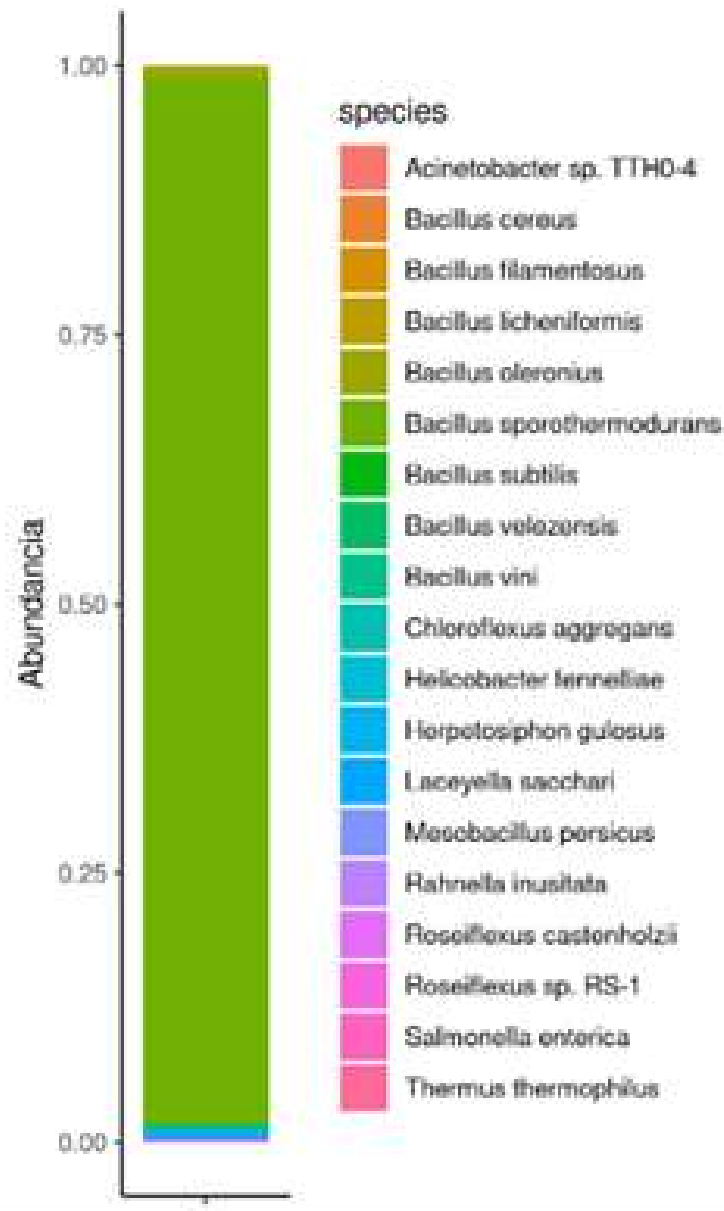
## Morphology and physiology

Ref.: 17491 Incubation period 1-2 days

Kind of temperature	Temperature
optimum	28 °C

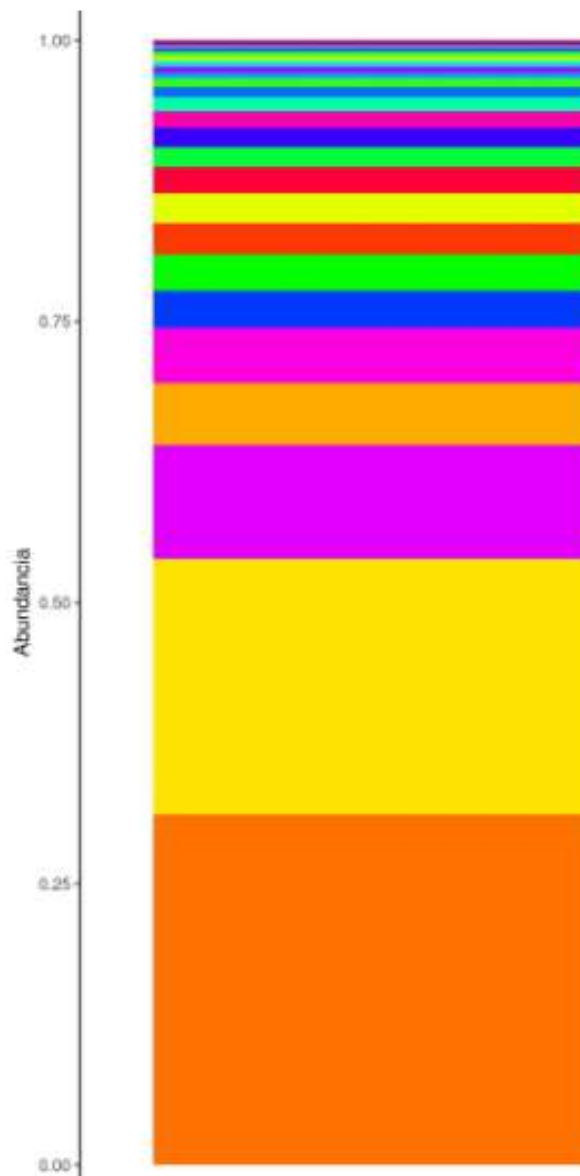
Ref.: 20218	Marker Gene (GenBank Direct submission)	Gluconacetobacter kakiaceti strain LMG26206 molecular chaperone (dnaK) gene, partial cds
-------------	---	--

species	abundance	NCBI tax_id*
Bacillus sporothermodurans	0.9736	46224
Bacillus oleronius	0.0065	38875
Laceyella sacchari	0.0057	37482
Herpetosiphon gulosus	0.0024	1973496
Bacillus velezensis	0.0019	492670
Bacillus licheniformis	0.0015	1402
Chloroflexus aggregans	0.0011	152260
Bacillus subtilis	0.0008	1423
Thermus thermophilus	0.0008	274
Rahnella inusitata	0.0008	58169
Bacillus vini	0.0007	1476025
Bacillus cereus	0.0007	1396
Bacillus filamentosus	0.0007	1402861
Mesobacillus persicus	0.0005	930146
Helicobacter fennelliae	0.0005	215
Roseiflexus castenholzii	0.0005	120962
Salmonella enterica	0.0005	28901
Acinetobacter sp. TTH0-4	0.0004	1646498
Roseiflexus sp. RS-1	0.0004	357808



\*NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy>)

species	abundance
Thermus thermophilus	0.3118
Acinetobacter albensis	0.2273
Lactococcus piscium	0.1010
Citrobacter braakii	0.0550
Lactococcus cremoris	0.0491
Lactococcus raffinolactis	0.0331
Aeromonas hydrophila	0.0322
Carnobacterium gallinarum	0.0278
Rahnella inusitata	0.0267
Pseudomonas gessardii	0.0231
Lactococcus laudensis	0.0180
Streptococcus parauberis	0.0173
Acinetobacter johnsonii	0.0143
Psychrobacter alimentarius	0.0126
Leuconostoc mesenteroides	0.0091
Moraxella osloensis	0.0073
Streptococcus thermophilus	0.0053
Carnobacterium divergens	0.0052
Uruburuella suis	0.0049
Lactobacillus kefiranofaciens	0.0040
Streptococcus lutetiensis	0.0026
Chryseobacterium joostei	0.0026
Macroccoccus caseolyticus	0.0025
Lactobacillus delbrueckii	0.0021
Streptococcus suis	0.0018
Epilithonimonas ginsengisoli	0.0018
Romboutsia timonensis	0.0015



### **Thermus thermophilus (0.31)**

- Pertenece al grupo Deinococcus-Thermus., Familia *Thermaceae*.
- Bacilo, Gram negativo, aerobio, no esporulado.
- Termófilo. Crecimiento: 50-82°C.
- Pueden producir pigmentos carotenoides. Coloración amarilla, anaranjada o roja de las colonias. Relacionado con alteración en quesos (coloración rosa).
- Gran variedad nutricional pudiendo degradar proteínas, lípidos y carbohidratos.
- Crecimiento a pH 7.
- Aislamiento de ambientes termales, quesos, ambiente de elaboración de quesos (prensas, muestras de agua caliente, etc.), intercambiadores de calor en la industria de leche fluida.
- Capacidad de adhesión a tubos de intercambiadores de calor.
- Única especie halotolerante de este género, siendo capaz de crecer en medios ricos con entre un 3 y un 6% (p/v) de NaCl.
- Produce óxido de N<sub>2</sub> gaseoso.

<https://bacdive.dsmz.de/search?search=Thermus+thermophilus>  
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2950507/file:///C:/Users/Usuario/Downloads/Thermus\\_and\\_the\\_Pit\\_in\\_Chees.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2950507/file:///C:/Users/Usuario/Downloads/Thermus_and_the_Pit_in_Chees.pdf)  
[file:///C:/Users/Usuario/Downloads/58855\\_bricio\\_garberi](file:///C:/Users/Usuario/Downloads/58855_bricio_garberi)

### **Acinetobacter albensis (0.23)**

- Familia *Moraxellaceae*
- Bacilo, Gram negativo, aerobio, no esporulado, potencialmente formador de cápsula.
- Mesófilo. Crecimiento: 30°C. 24h
- Catalasa positivo, Oxidasa negativo. No pigmentadas. Colonias mucoides.
- Microorganismos oportunistas. No productor toxinas. Capacidad de adherencia.
- Aislado de leche cruda y pasteurizada, alimentos congelados, aves de corral refrigeradas, aire, suelo y agua.
- El principal reservorio es el ser humano (piel y faringes).

<https://bacdive.dsmz.de/strain/156040>  
[https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/65/11/3905\\_ijsem000511.pdf?expires=1660875414&id=id&accname=guest&checksum=3380073B7B6F10657281D0794AFBCF43](https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/ijsem/65/11/3905_ijsem000511.pdf?expires=1660875414&id=id&accname=guest&checksum=3380073B7B6F10657281D0794AFBCF43)  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29982240/>

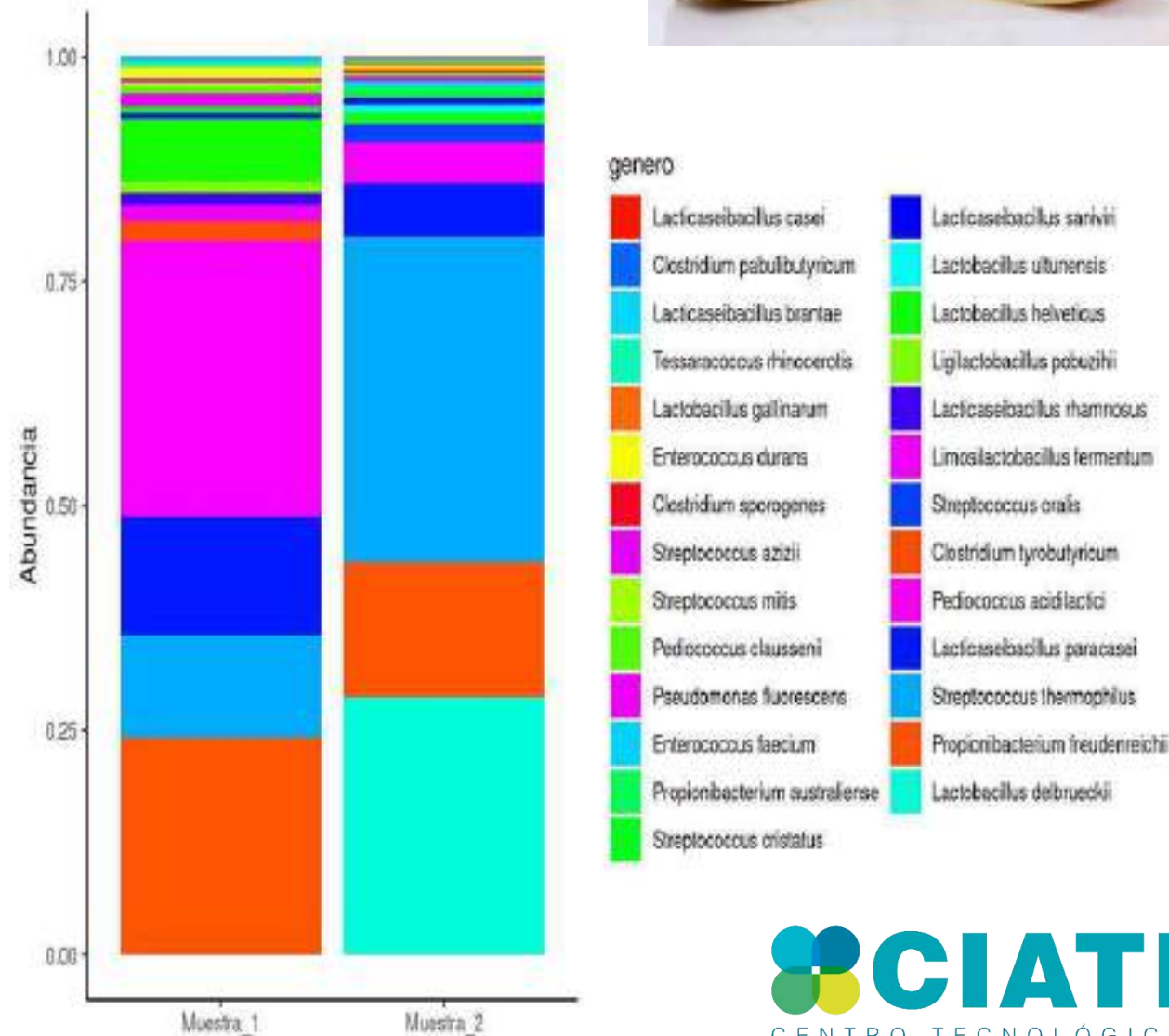
Muestra 1 ("Queso Defectuoso"):

Bacteria	Abundancia Relativa	NCBI_tax_id*
<i>Pediococcus acidilactici</i>	0.3065	862514
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	0.2413	1752
<i>Lactocaseibacillus paracasei</i>	0.1327	1597
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.1144	1308
<i>Lactobacillus helveticus</i>	0.0689	585520
<b><i>Clostridium tyrobutyricum</i></b>	<b>0.0219</b>	1519
<i>Limosilactobacillus fermentum</i>	0.0178	1613
<i>Lactocaseibacillus rhamnosus</i>	0.0138	47715
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	0.0135	294
<i>Ligilactobacillus pobuzihii</i>	0.0133	449659
<i>Enterococcus durans</i>	0.0132	53345
<i>Streptococcus cristatus</i>	0.0086	889201
<i>Pediococcus claussenii</i>	0.0077	187452
<i>Lactocaseibacillus saniviri</i>	0.0065	1293598
<i>Tessaracoccus rhinocerotis</i>	0.0051	1689449
<i>Streptococcus mitis</i>	0.0044	28037
<i>Streptococcus azizii</i>	0.0044	1579424
<i>Lactocaseibacillus brantae</i>	0.0042	1423727



Muestra 2 ("Queso Bueno"):

Bacteria	Abundancia Relativa	NCBI_tax_id*
<i>Streptococcus thermophilus</i>	0.3736	1308
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	0.3053	1584
<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	0.1522	1744
<i>Lactocaseibacillus paracasei</i>	0.0723	1597
<i>Pediococcus acidilactici</i>	0.0501	1254
<i>Lactobacillus helveticus</i>	0.0342	1587
<i>Enterococcus faecium</i>	0.0104	1352
<i>Lactocaseibacillus rhamnosus</i>	0.0054	47715
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	0.0047	294
<i>Clostridium botulinum</i>	0.0037	1491
<i>Streptococcus salivarius</i>	0.0018	1304
<i>Laceyella sacchari</i>	0.0017	37482
<i>Lactocaseibacillus casei</i>	0.0011	1582
<b><i>Clostridium sporogenes</i></b>	<b>0.0009</b>	1509
<i>Enterococcus durans</i>	0.0007	53345



### 3) Análisis de los resultados y conclusiones:

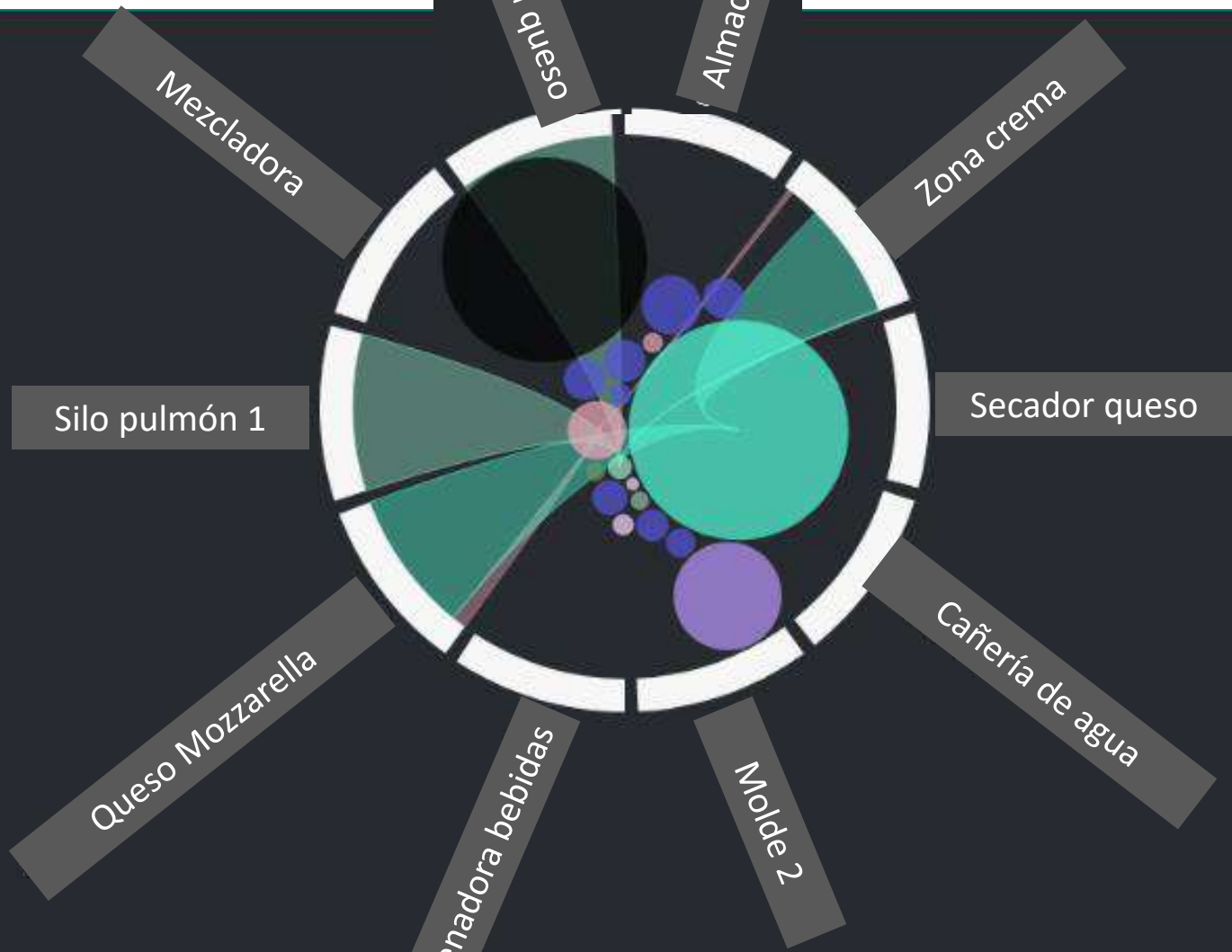
Si bien la mayoría de los microorganismos observados en ambas muestras se encuentran relacionados con el proceso de elaboración de quesos (cultivos starters + bacterias asociadas al entorno), llama la atención la presencia de ADN de ***Clostridium tyrobutyricum*** en la Muestra 1 el cual es ampliamente conocido como uno de los principales agentes causantes de deterioro severo de quesos, produciendo defectos sensoriales y de textura con la consiguiente pérdida de valor del producto. Uno de los principales defectos de los quesos semiduros, asociados a *C. tyrobutyricum*, es conocido como "late blowing defect, LBD" el cual se caracteriza por la formación de grietas y hendiduras en la matriz del queso, así como por un sabor rancio desagradable debido a la fermentación no deseada del ácido butírico (en la cual se genera gas y ácido butírico). Por otra parte, algunos estudios han demostrado que otras especies de clostridios, como ***C. sporogenes*** (identificado en la Muestra 2) y *C. beijerinckii* también son capaces de contribuir a la LBD.

Existen muy pocos estudios que informan la concentración de células viables de *C. tyrobutyricum* en quesos con LBD. Por ejemplo, Herman y col, (1997) informaron que un valor de 0,4 NMP/g en queso Gouda naturalmente contaminado era suficiente para causar LBD, mientras que Toyoda y Nakajima (1995) sugirieron que la LBD, en queso Gouda, no ocurre hasta que la concentración celular de la bacteria sea del al menos  $3,5 \times 10^3$  ufc/g. Este grado de variabilidad e incertidumbre plantean un desafío para establecer un umbral preciso de concentración de *C. tyrobutyricum* en quesos necesarios para causar la LBD.

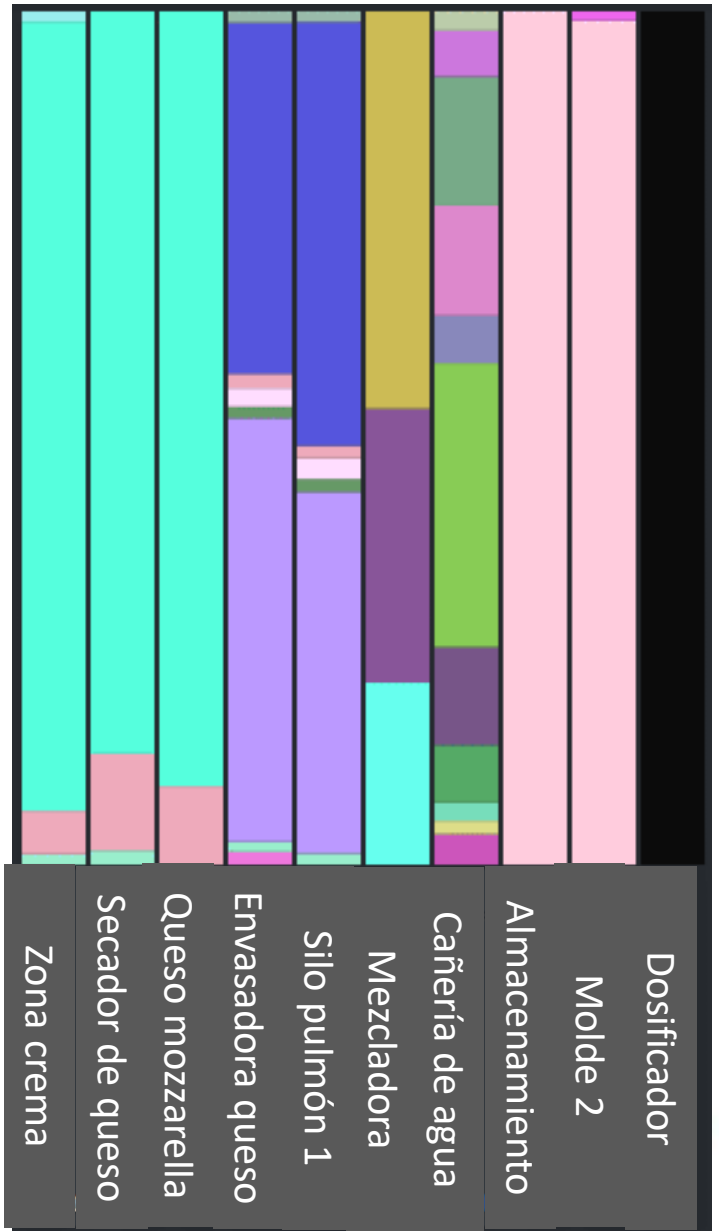
Si bien la abundancia relativa de *C. tyrobutyricum* en la Muestra 1, a priori, puede parecer baja (0,0219) se debe tener en cuenta que, al ser un alimento fermentado, el mismo debería presentar una gran cantidad de bacterias aún luego del proceso de maduración. Esto implica que aún valores bajos en abundancia relativa puedan corresponderse con concentraciones de bacterias no despreciables.

En base a los resultados obtenidos, *C. tyrobutyricum* podría estar vinculado con el deterioro del queso analizado (lo mismo para *C. sporogenes* en la Muestra 2).

Mayoría de zonas "limpias"



Diversidad microbiana



Abundancia relativa



## Envasadora de queso

Ensaio: DMD Bactéria - Sequenciamento de alto desempenho - gene 16S rRNA região V3-V4

Identificação	Número de sequências de DNA	Proporção por amostra (%)
<i>Lactococcus lactis</i>	8.346	49,68
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	6.911	41,13
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	370	2,20
<i>Pseudomonas putida</i>	282	1,60
<i>Leuconostoc lactis</i>	250	1,49
<i>Acinetobacter sp.</i>	223	1,33
<i>Acinetobacterwoffii</i>	220	1,31
<i>Streptococcus thermophilus</i>	199	1,18

## Silo pulmón 1

Identificação	Número de sequências de DNA	Proporção por amostra (%)
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	17.744	49,65
<i>Lactococcus lactis</i>	15.145	42,38
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	868	2,43
<i>Acinetobacterwoffii</i>	536	1,50
<i>Pseudomonas putida</i>	531	1,49
<i>Streptococcus thermophilus</i>	472	1,32
<i>Acinetobacter sp.</i>	443	1,24

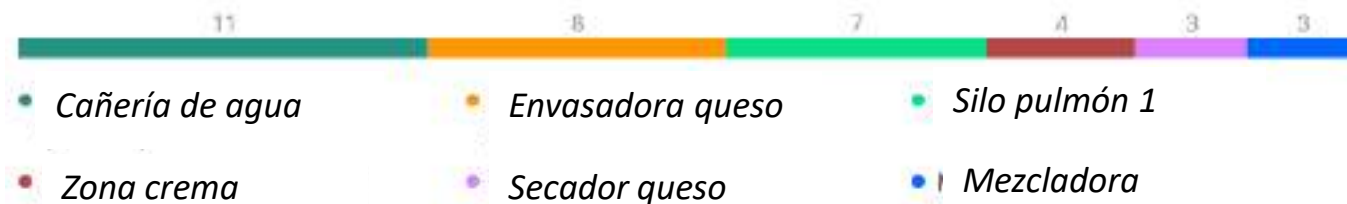
## Cañería de agua

Identificação	Número de sequências de DNA	Proporção por amostra (%)
<i>Methylobacterium extorquens</i>	20.845	33,27
<i>Deinococcus xyliangensis</i>	9.471	15,12
<i>Xenophilus aerolatus</i>	8.090	12,91
<i>Sphingomonas meli</i>	7.183	11,46
<i>Gordonia sputi</i>	4.242	6,77
<i>Brevundimonas vesicularis</i>	3.484	5,56
<i>Bosea thiooxidans</i>	3.372	5,38
<i>Sahinobacter melnik</i>	2.234	3,57
CONICET	1.416	2,26
sis	1.324	2,11
	992	1,58

## Muestras con mayor **ABUNDANCIA** microbiológica



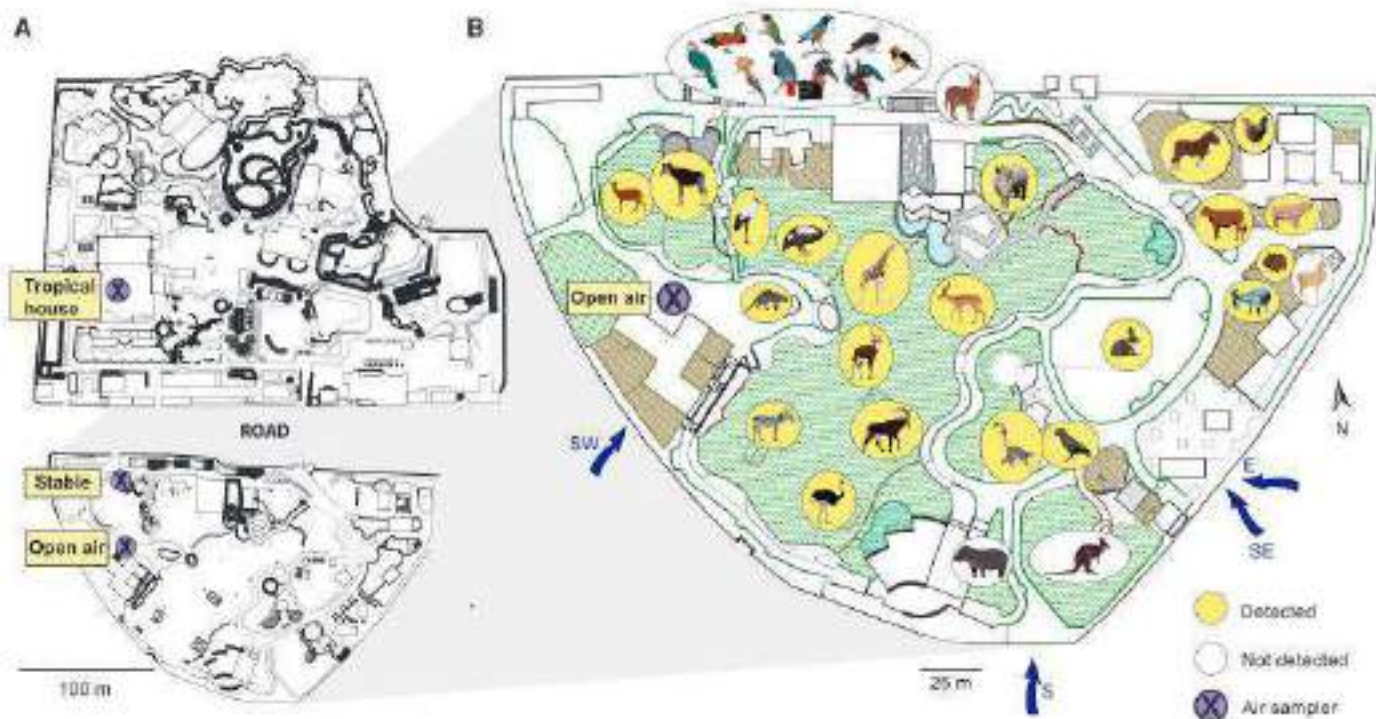
## Muestras con mayor **DIVERSIDAD** microbiológica





## Airborne environmental DNA for terrestrial vertebrate community monitoring

Lynggaard et al., 2022, *Current Biology* 32, 701–707  
 February 7, 2022 © 2021 The Author(s). Published by Elsevier Inc.  
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.12.014>



### Highlights

- 49 vertebrate species detected through metabarcoding of airborne eDNA from the zoo
- Detections included 30 mammal, 13 bird, 4 fish, 1 amphibian, and 1 reptile species
- 6 to 21 vertebrate species were detected per air filtering sample
- Shorter geographical distance and higher biomass increased probability of detection

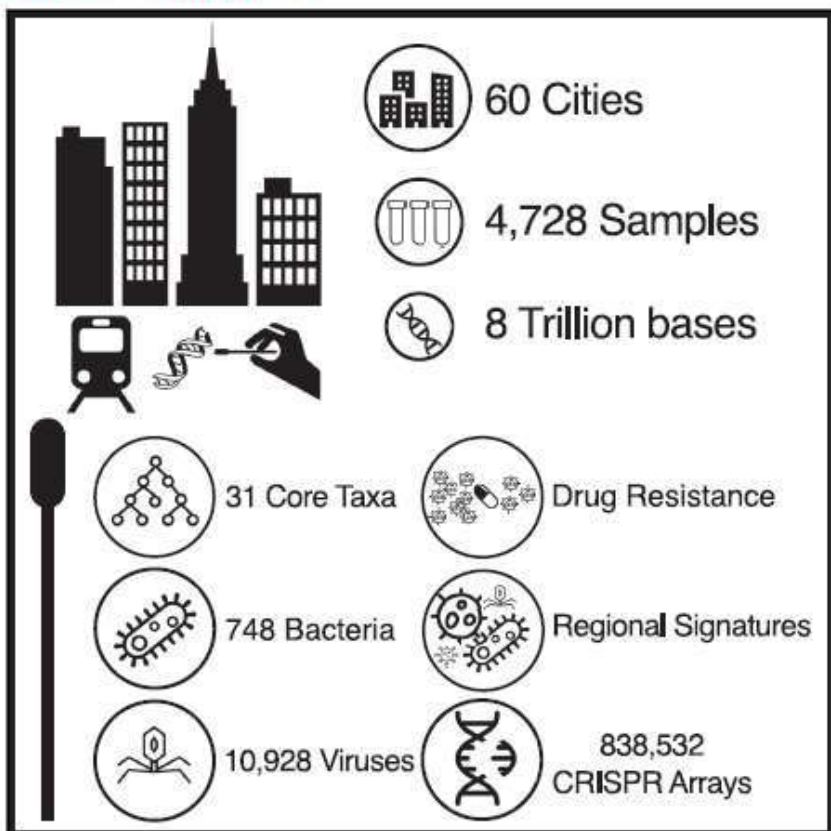
**Figure 1. The sampling sites and airborne eDNA detections of vertebrate species**

(A) The three locations where airborne eDNA samples were collected in Copenhagen Zoo, Denmark: the okapi and red forest duiker stable, in open air among the outdoor enclosures, and inside the Tropical House.

(B) Airborne eDNA sampling in open air in the southern part of the zoo. Visualized vertebrates have access to outdoor enclosures in the southern part of the zoo. Vertebrate species detected through metabarcoding of airborne eDNA are highlighted in yellow. Wind direction during sampling is represented with arrows: SW and S during sampling days in September; E and SE during sampling days in December (<https://www.dmi.dk/>). Maps and animal illustrations courtesy of Copenhagen Zoo.

# A global metagenomic map of urban microbiomes and antimicrobial resistance

## Graphical abstract



## Authors

David Danko, Daniela Bezdán,  
Evan E. Afshin, ..., Sibó Zhu,  
Christopher E. Mso, The International  
MetaSUB Consortium

## Correspondence

[chm2042@med.cornell.edu](mailto:chm2042@med.cornell.edu)

## In brief

This systematic, worldwide catalog of urban microbiomes represents a metagenomic atlas important for understanding the ecology, virulence, and antibiotic resistance of city-specific microbial communities.

*\*) Consorcio metaSUB.*

*\*) Muestras de máquinas expendedoras de tickets, asientos, mesas, barandas en estaciones de metro, colectivo, etc.*

*\*) Primer catálogo mundial del ecosistema microbiano urbano.*

*\*) Potenciales aplicaciones forenses y de salud pública.*

*\*) Visión de la carga de los microorganismos RAM en las ciudades.*

# MetaSUB

Metagenomics & Metadesign of Subways & Urban Biomes



***“Crear una base de datos de los microorganismos que habitan los espacios públicos a nivel mundial.”***

MetaSUB's work can be explored using an interactive map of near realtime data visualization



## Filter Map by Metadata

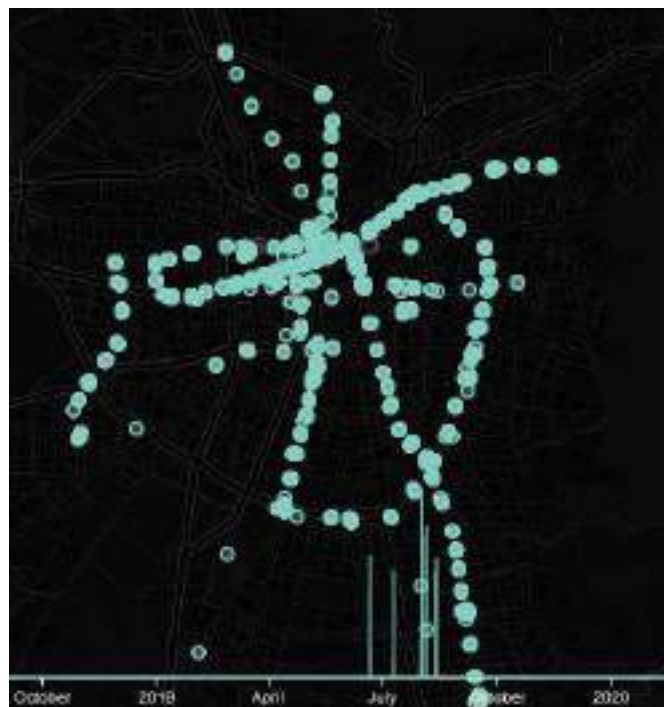
- ▶ Sampling Type
- ▶ Location Type
- ▶ Location
- ▶ Setting
- ▶ Sampling Place
- ▶ Surface Material
- ▶ Ground Level

33415 Samples Taken Worldwide

samples per hour



Leaflet | © OpenStreetMap © CartoDB



## 1535 Samples Taken in santiago

samples per hour





## FoodMicrobionet v4: A large, integrated, open and transparent database for food bacterial communities

Eugenio Parente<sup>a</sup>, Teresa Zotta, Annamaria Ricciardi

<sup>a</sup> *Unità di Ricerca Agraria, Foresta, Ambiente ed Animali, Università degli Studi della Basilicata, Potenza, Italy*

### ARTICLE INFO

**Keywords:**  
Amplicon targeted high-throughput sequencing  
16S metagenomics  
Bacterial communities  
Database

### ABSTRACT

With the availability of high-throughput sequencing techniques our knowledge of the structure and dynamics of food microbial communities has made a quantum leap. However, this knowledge is dispersed in a large number of papers and hard data are only partly available through powerful on-line databases and tools such as QIIME, MGify and the Integrated Microbial Vnext Generation Sequencing platform, whose annotation is not optimized for foods.

Here, we present the 4th iteration of FoodMicrobionet, a database of the composition of bacterial microbial communities of foods and food environments. With 180 studies and 10,151 samples belonging to 8 major food groups FoodMicrobionet 4.1.2 is arguably the largest and best annotated database on food bacterial communities. This version includes 1054 environmental samples and 8407 food samples, belonging to 16 L1 categories and 195 L6 categories of the KOSA FoodRIS classification and is approximately 4 times larger than previous version (2.1, <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.103849>).

As a representative case study among the many potential applications of FoodMicrobionet, we confirm that taxonomic assignments at the genus level can be performed confidently for the majority of amplicon sequence variants using the most commonly used 16S rRNA gene target regions (V1-V2, V2-V4, V4), with best results with higher quality sequences and longer fragment lengths, but that care should be exercised in confirming the assignment at species level.

Both FoodMicrobionet and related data and software conform to FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable/Reproducible) criteria for scientific data and software and are freely available on public repositories (GISAID, Microbio data).

Even if FoodMicrobionet does not have the sophistication of QIIME, BIOMGS and MGify, we feel that this iteration, due to its size and diversity, provides a valuable asset for both the scientific community and industrial and regulatory stakeholders.

## Statistics by food group.

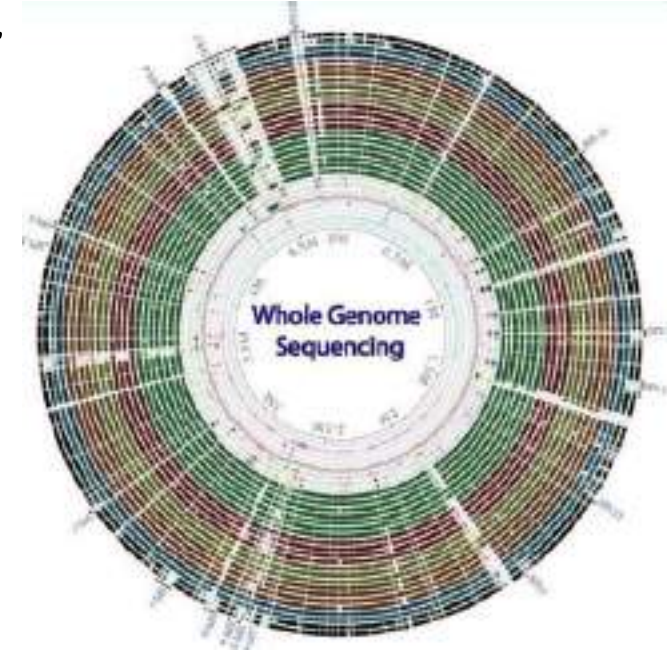
L1	n	prop	cumprop
Milk and dairy products	4918	0.4845	0.4845
Meat and meat products	2641	0.2602	0.7447
Vegetables and vegetable products	604	0.0595	0.8042
Fruit and fruit products	525	0.0517	0.8559
Fish, seafood, amphibians, reptiles and invertebrates	493	0.0486	0.9044
Major isolated ingredients, additives, flavours, baking and processing aids	280	0.0276	0.9320
Seasoning, sauces and condiments	138	0.0136	0.9456
Composite dishes	115	0.0113	0.9570
Alcoholic beverages	114	0.0112	0.9682
Legumes, nuts, oilseeds and spices	81	0.0080	0.9762
Grains and grain-based products	66	0.0065	0.9827
Eggs and egg products	56	0.0055	0.9882
Animal and vegetable fats and oils and primary derivatives thereof	53	0.0052	0.9934

idelevel	n
species	4497
genus	3259
family	655
order	366
class	238
phylum	79
domain	4



## Secuenciación de genomas completos (WGS)

- Permite determinar la secuencia completa de ADN de una cepa previamente aislada.
- Posee un nivel de resolución genética mayor que el PFGE para discriminar cepas.
- Se obtiene información a nivel de cepa, serotipo, genes de resistencia a antimicrobianos, y factores de virulencia sin necesidad de técnicas específicas adicionales.
- Estudios de brotes de ETA. Análisis de fuente de contaminación.
- Diferenciación de cepas persistentes y transientes.
- Análisis de calidad de cepas utilizadas como iniciadores.





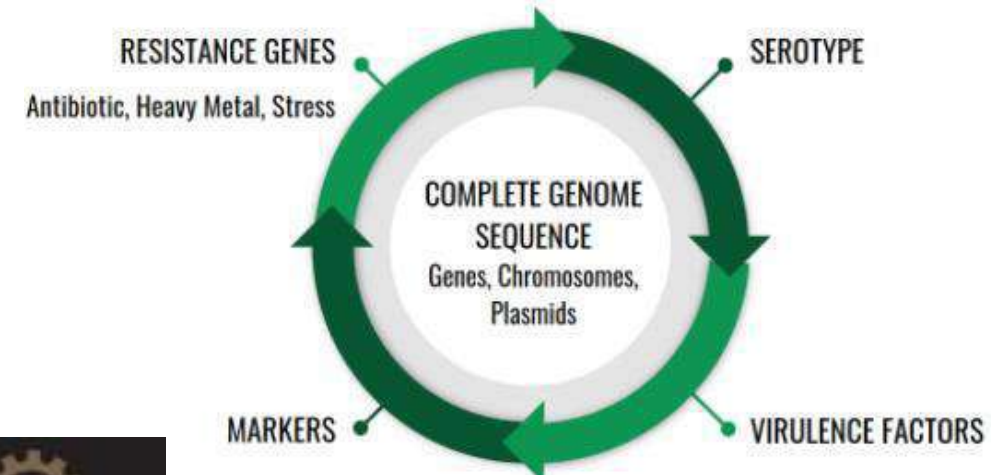
## Epidemiología molecular

*Electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE)*



## Epidemiología genómica

*Secuenciación de genoma completo (WGS)*



Pulsed-Field Gel Electrophoresis | **Whole Genome Sequencing**  
PFGE is currently the standard for PulseNet International, and is a valuable method to set the foundation of a country's network before moving to WGS.

**PulseNet International:**  
On the path to implementing whole genome sequencing for foodborne disease surveillance



**1 Isolates Selected** x Clear

0 Please select more isolates to show statistics.

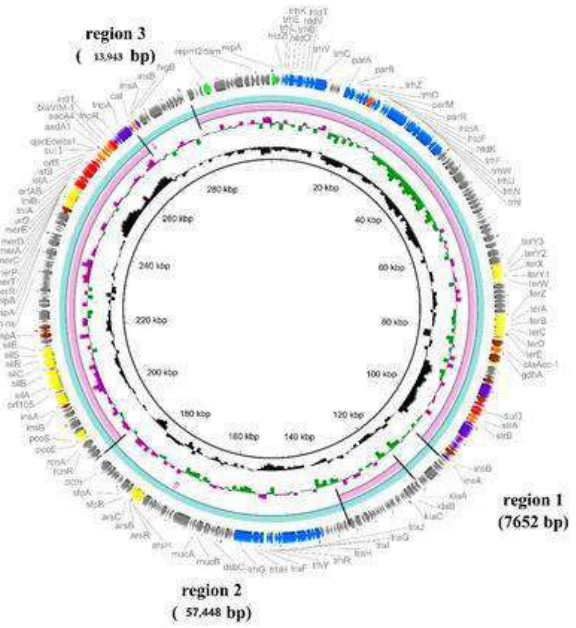
Group by: Creation date

Isolation type	Location	Create...	Min-sa...	Min-diff	Actions
Year: 2021					
clinical	USA	2021-1...	2	n/a	

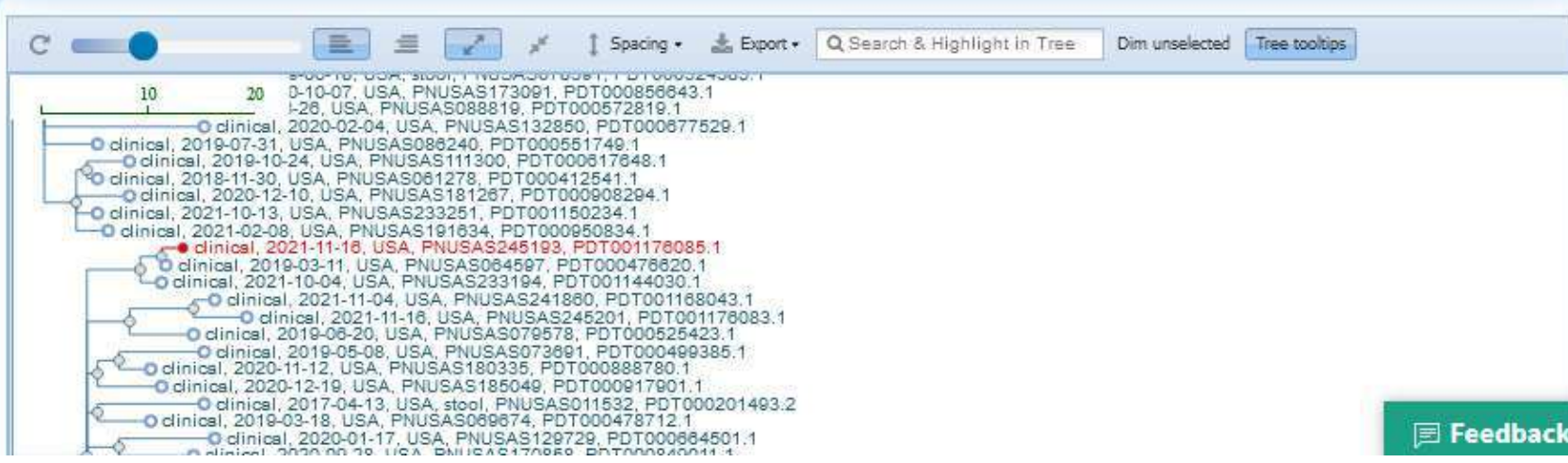
Page 1 of 21 | Records per Page 5 | Choose columns | Download | Hide plus AMR genotypes | Expand all | Displaying 1 - 5 of 102

#	Organism group	Strain	Isolate identi...	Serovar	Isolate	Create d...	Locat...	Isolation source	Isolation ...	Min-sa...	Min-d...	BioSample	Asse
<input checked="" type="checkbox"/>	Salmonella ent...	PNUSAS2...	PNUSAS24519 SRS11083237	Javiana	PDT00117608...	2021-11-...	USA		clinical	2	n/a	SAMN23214744	
<input type="checkbox"/>	Salmonella ent...	FLDOH-53	CFSAN029009 FLDOH-53 SRS921562	Undetermi...	PDT00006212...	2015-04-...	USA...	blood	clinical	18	n/a	SAMN03290498	GCA
<input type="checkbox"/>	Salmonella ent...	FLDOH-95	CFSAN029051 FLDOH-95 SRS922137	Javiana	PDT00006222...	2015-04-...	USA...	stool	clinical	18	n/a	SAMN03290540	GCA
<input type="checkbox"/>	Salmonella ent...	PNUSAS0...	PNUSAS01061 SRS2073521		PDT00019775...	2017-03-...	USA	stool	clinical	25	n/a	SAMN06624650	GCA
<input type="checkbox"/>	Salmonella ent...	PNUSAS0...	PNUSAS01153 SRS2118384		PDT00020149...	2017-04-...	USA	stool	clinical	15	n/a	SAMN06708759	GCA

[Share](#)
[Hide Table](#)
[Labels](#)
[Load Labels](#)
[Neighbors](#)
[Common subtree](#)
[Watch](#)
[Watched isolates](#)



- Gene Function**
- transfer
  - replication
  - heavy metal resistance
  - disinfectant resistance
  - antibiotic resistance
  - class I integron
  - transposon
  - other mobile element
  - other
- Ring Legend**
- GC content
  - GC Skew (-)
  - GC Skew (+)
  - pRH-R27
  - pRH-R178



[Feedback](#)



# USE OF WHOLE GENOME SEQUENCING (WGS) OF FOOD-BORNE PATHOGENS FOR PUBLIC HEALTH PROTECTION

16-17 June 2014, Parma, Italy



**SCIENTIFIC ADVICE**

Expert Opinion on the  
introduction of next-generation  
typing methods for  
food- and waterborne diseases  
in the EU and EEA



**TECHNICAL REPORT**

ISSUED: 03 April 2015  
URL: [ecdc.europa.eu/en](http://ecdc.europa.eu/en)

**EFSA and ECDC technical report on the collection and analysis of whole genome sequencing data from food-borne pathogens and other relevant microorganisms isolated from human, animal, food, food and food/food environmental samples in the joint ECDC-EFSA molecular typing database**

European Centre for Disease Control (ECDC), European Food Safety Authority (EFSA), Ivo Van Walle, Beatriz Guerra, Viktor Borczyk, João André Gomes, Guo Guohua, The Dalgaard, Tânia Franco, Renata Kępczyńska, Theodor Mikolajczyk, Miroslav Moravský, José Mouton, Erik Allen, Federico Barrois, Cláudia Bianchi, Gabriela Costa, Sarena Kozlik, Isabela Murgone, Daniel Palm, Luca Farnetto, Joana Revez, Marc Struelens, Daniel Thomas-López and Isabella Ricci

**Abstract**

EFSA and ECDC were requested by the European Commission to jointly evaluate the possible solutions for the collection and analysis of whole genome sequencing (WGS) data for at least *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* and *Escherichia coli* by: (1) analyzing the outcomes of the surveys on the status of the use of WGS of food-borne pathogens in EU/EEA countries in both the food and public health sectors; (2) conducting a consultation of relevant actors to assess state-of-the-art pipelines for collecting and analyzing WGS data in Europe; (3) involving relevant stakeholders to assess the needs and requirements for the analysis of WGS data and their compatibility; and (4) preparing a technical report on the identification and comparison of potential solutions for the set-up and running of a joint ECDC-EFSA pipeline to collect and analyze WGS data. Logical components of the overall system were identified and technical requirements were prioritized and grouped according to functionality. Eleven platforms (solutions) that integrate the relevant functionalities for collecting, analyzing and resulting WGS data were thoroughly described. The degree to which the requirements are met by the different solutions (as of 31 December 2014) was evaluated. The assessment made clear that no single solution meets all the critical requirements and each solution has significant gaps regarding the most critical requirements. Therefore, scenarios consisting of a combination of several solutions were considered. As there may be many suitable scenarios, and the choice among them will depend on strategic or financial elements that are not within the scope of this report, to ensure the scientific and technical elements necessary to generate scenarios, rather than presenting individual scenarios, a scenario builder is presented which includes the significant gaps for each solution/feasibility and the limitations and risks to be considered when setting up a joint ECDC-EFSA database for the collection and analysis of WGS data.

© European Centre for Disease Control and European Food Safety Authority, 2015

**Whole genome sequencing for foodborne disease surveillance**  
Landscape paper

World Health Organization 2015



**TECHNICAL BACKGROUND PAPER**

**Applications of Whole Genome Sequencing in food safety management**

Food and Agriculture Organization of the United Nations  
in collaboration with the World Health Organization

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS  
Rome, 2015

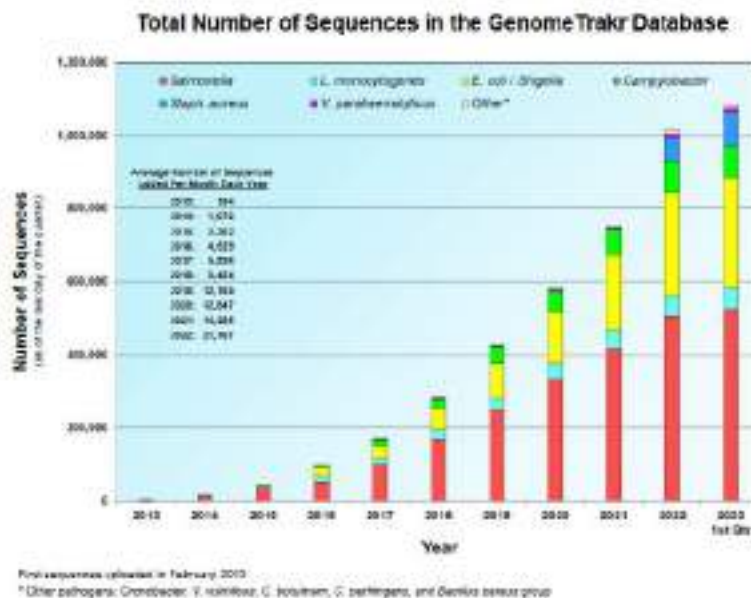
## GenomeTrakr Fast Facts



Content current as of:  
04/20/2023

- The GenomeTrakr network has sequenced more than **1 million isolates** and closed more than 500 genomes. The network is regularly sequencing over 13,000 isolates each month.

*Red de lab que recogen y comparten secuencias de WGA de patógenos. Iniciativa de la FDA*



## Explore the Data

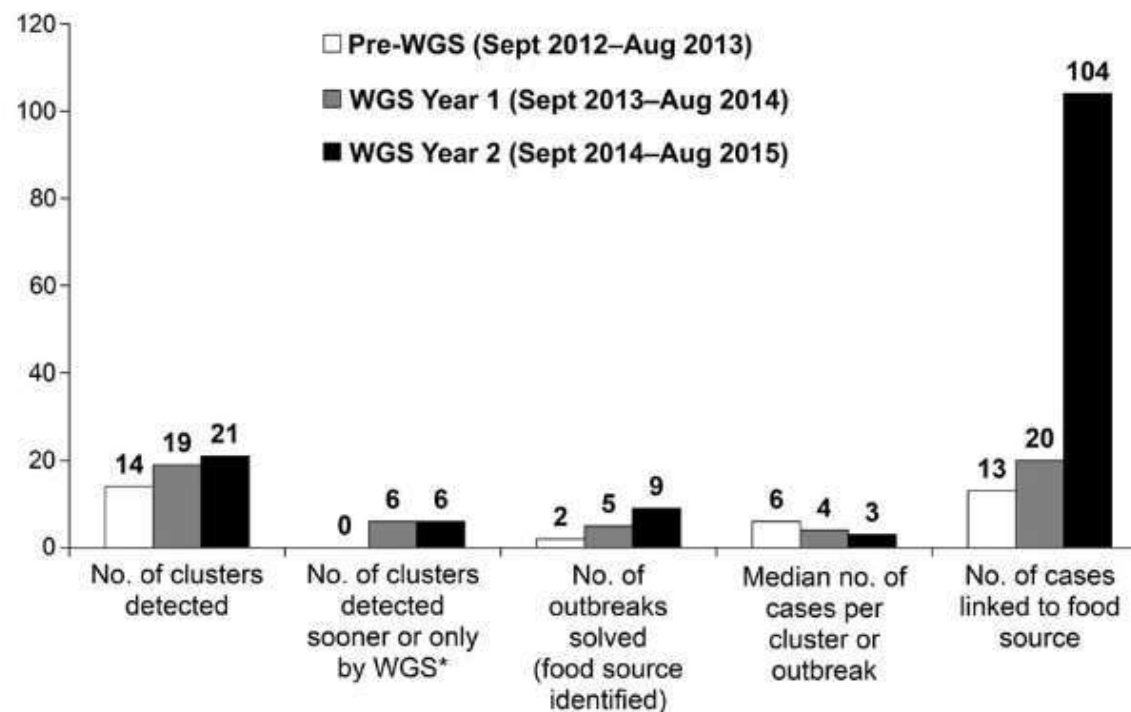
Species	New Isolates	Total Isolates
<a href="#">Salmonella enterica</a>	686	461,713
<a href="#">E.coli and Shigella</a>	625	240,735
<a href="#">Campylobacter jejuni</a>	78	77,986
<a href="#">Listeria monocytogenes</a>	1	52,876

[See more organisms...](#)



FOOD SAFETY: Patricia M. Griffin, Section Editor

# Implementation of Nationwide Real-time Whole-genome Sequencing to Enhance Listeriosis Outbreak Detection and Investigation



**Figure 1.** Listeriosis clusters detected and outbreaks solved before and after implementation of real-time whole-genome sequencing (WGS) of *Listeria monocytogenes* isolates from patients, food, and the environment, United States, September 2012–August 2015. \*Cluster detection sooner or only by WGS, as compared with pulsed-field gel electrophoresis.

# The Benefits and Barriers of Whole-Genome Sequencing for Pathogen Source Tracking: A Food Industry Perspective



*\*) Año 2019: En Suiza, se celebró con el objetivo de compartir experiencias en torno a la implementación de WGS.*

*\*) Participaron 19 empresas.*

*\*) El 84.21% (n=16) de las compañías informan que ya han usado WGS.*

*\*) El 89.47% la utilizaron para seguimiento de patógenos, el 15.79% para caracterización de cepas probióticas (perfil de RAM), y el 5.26% para análisis de deterioro.*

# ISO 23418:2022

Microbiology of the food chain — Whole genome sequencing for typing and genomic characterization of bacteria — General requirements and guidance

INTERNATIONAL  
STANDARD

ISO  
23418

---

---

**Microbiology of the food chain —  
Whole genome sequencing for typing  
and genomic characterization of  
bacteria — General requirements and  
guidance**

*Microbiologie de la chaîne alimentaire — Séquençage de génome  
entier pour le typage et la caractérisation génomique des bactéries —  
Exigences générales et recommandations*



# FDA Releases Summary Report on Multi-year Processed Avocado and Guacamole Sampling Assignment

Content current as of:  
03/16/2022

March 16, 2022

Today the U.S. Food and Drug Administration released findings from a sampling assignment that collected and tested processed avocado and guacamole from November 2017 to September 2019. The assignment sought to estimate the prevalence of *Salmonella* spp. and *Listeria monocytogenes* in processed avocado and guacamole as part of the FDA's ongoing effort to proactively ensure food safety and prevent contaminated food from reaching consumers.

During the assignment the FDA collected and tested a total of 887 samples of both domestic and imported processed avocado and guacamole. The agency detected *Salmonella* spp. in two samples, which were later determined to be distinct samples of the same brand of domestically manufactured guacamole. Neither of these samples had received high pressure processing (HPP) treatment. HPP is a kill step increasingly used by this industry to neutralize harmful pathogens.





# Summary Report: Processed Avocado and Guacamole FY 2017 – 2019 Microbiological Sampling Assignment

March 2022

Table 3: *Salmonella* spp. Findings

Category of HPP Treatment	Samples Collected	Samples Positive	Estimated Prevalence	95% Confidence Interval Lower Bound	95% Confidence Interval Upper Bound
Not HPP Treated	322	2	0.6%	0.1%	3.4%
HPP Treated	362	0	0%	–	–
Could Not Ascertain	203	0	0%	–	–
Total	887	2	0.2%	0.0%	1.3%

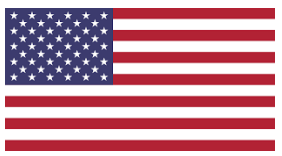
Table 4: *Listeria monocytogenes* Findings

Category of HPP Treatment	Samples Collected	Samples Positive	Estimated Prevalence	95% Confidence Interval Lower Bound	95% Confidence Interval Upper Bound
Not HPP Treated	323	8	2.5%	1.0%	6.3%
HPP Treated	361	0	0%	–	–
Could Not Ascertain	203	7	3.5%	1.1%	10.1%
Total	887	15	1.7%	0.8%	3.5%

samples had received HPP treatment. Following whole genome sequencing conducted on the pathogens detected, the agency determined in the case of each positive that either there was no linkage to any clinical illnesses or that the available epidemiological information was inconclusive with respect to the food or other vehicle involved in the illnesses.



# Brote de *Salmonella* vinculado a mantequilla de maní



Publicado el 25 de mayo del 2022

## Datos de laboratorio

Los análisis de la secuenciación del genoma completo muestran que las muestras de las personas enfermas en esta investigación están estrechamente relacionadas a nivel genético con una muestra recolectada en el 2010 del entorno de la planta de la compañía J.M. Smucker en Lexington, KY, en donde se produce parte de la mantequilla de maní de la marca Jif.

## Salmonella Senftenberg

## Medidas de salud pública

El 20 de mayo del 2022, la Compañía J.M. Smucker [retiró del mercado](#) varios tipos de mantequilla de maní de la marca Jif. No coma, venda ni sirva la mantequilla de maní de la marca Jif retirada del mercado.

### COMPANY ANNOUNCEMENT

# The J. M. Smucker Co. Issues Voluntary Recall of Select Jif® Products Sold in the U.S. for Potential Salmonella Contamination



## FOOD SAFETY ALERT



**Salmonella Outbreak**  
Linked to Jif Brand Peanut Butter

Do not eat recalled peanut butter:

- Many types and sizes were recalled, including creamy, crunchy, natural, and reduced fat
- Check for numbers: 1274425 through 2140425, with "425" at the end of the first 7 numbers
- See recall notice for more details

[cdc.gov/foodsafety/outbreaks](https://cdc.gov/foodsafety/outbreaks)

1 de junio del 2022

### Datos breves

- Casos de enfermedad: 16
- Hospitalizaciones: 2
- Muertes: 0
- Estados: 12
- Retiro del mercado: Sí
- Estado de la investigación: Activo



# Listeria Outbreak Linked to Ice Cream



Posted August 4, 2022

## Fast Facts

- Illnesses: 25
- Hospitalizations: 24
- Deaths: 1
- States: 11
- Recall: Yes
- Investigation status: Active



The Florida Department of Agriculture and Consumer Services (FDACS) collected samples of ice cream and environmental samples from the ice cream production area at the Big Olaf Creamery facility in Sarasota, Florida. FDACS also performed whole genome sequencing on these samples and the Florida Department of Health identified the outbreak strain in the samples collected from the ice cream and the environment.



## Outbreak Investigation of Listeria monocytogenes: Ice Cream (July 2022)



*Do not eat, sell, or serve recalled ice cream products from Big Olaf Creamery of Sarasota, FL. FDA's outbreak investigation is ongoing.*

**FSN** Food Safety News  
Sponsored by Marlin Clark  
Breaking news for everyone's consumption

**All but one of ice cream samples tested in outbreak investigation are contaminated**

By Coral Beach on July 15, 2022





FLORIDA DEPARTMENT OF AGRICULTURE AND CONSUMER SERVICES  
COMMISSIONER NICOLE "NIKKI" FRIED

Food Analysis Report

LABORATORY NUMBER: 2022/FL-79652 REPO 07/15/2022 0  
 PRODUCT NAME: **Vanilla Ice Cream**  
 BRAND NAME: Big Olaf  
 CODE LOT: na  
 SAMPLE SOURCE: State  
 INSPECTOR: BRIAN SCHUETTLER  
 INSPECTOR NUMBER: 99963883205715  
 FOOD ENTITY NUMBER: 399487  
 RECEIVED DATE: 07/10/2022  
 OFFICIAL SAMPLE: Yes  
 DATE COLLECTED: 07/09/2022  
 ALTERNATE LAB NUMBER: 99963883205715  
 CONSUMER COMPLAINT?: No  
 STOP SALE?: No  
 FOLLOW UP?: No

*16/17 muestras  
de producto  
positivas*

DEALER NAME: Big Olaf Creamery  
 ADDRESS LINE 1: 2001 Cattlemen RD Unit 123  
 ADDRESS LINE 2:  
 CITY, STATE, ZIP: Sarasota, Florida 34232

The Bureau of Food Laboratories maintains A2LA accreditation to ISO/IEC 17025 for the specific tests listed in A2LA Certificates 2534.01 and 2534.02.

FL METHOD 690: Detection of Listeria monocytogenes Using FSIS Method		Batch ID: 18148
<input checked="" type="checkbox"/> accredited	Listeria Monocytogenes	Positive, Type 1

Product contains Listeria monocytogenes.

Diane Pickett, Bureau Chief



<https://www.dropbox.com/sh/cmbceqaiieswltvp/AACOaBNL6roeO8EjJVb8SI02a?dl=0>



FLORIDA DEPARTMENT OF AGRICULTURE AND CONSUMER SERVICES  
COMMISSIONER NICOLE "NIKKI" FRIED

Food Analysis Report

LABORATORY NUMBER: 2022/FL-79593 REPORT DATE: 07/14/2022  
 PRODUCT NAME: 084  
 BRAND NAME: **Zone 1**  
 CODE LOT: SPONGE, PLASTIC CLEAR CHOCOLATE COOKIE SCOOP  
 SAMPLE SOURCE: State  
 INSPECTOR: BRIAN SCHUETTLER  
 INSPECTOR NUMBER: 99963883205657  
 FOOD ENTITY NUMBER: 399487  
 RECEIVED DATE: 07/08/2022  
 OFFICIAL SAMPLE: Yes  
 DATE COLLECTED: 07/07/2022  
 ALTERNATE LAB NUMBER: 99963883205657  
 CONSUMER COMPLAINT?: No  
 STOP SALE?: No  
 FOLLOW UP?: No

*Más de 10 muestras  
ambientales positivas  
(Zonas 1 y 2)*

DEALER NAME: Big Olaf Creamery  
 ADDRESS LINE 1: 2001 Cattlemen RD Unit 123  
 ADDRESS LINE 2:  
 CITY, STATE, ZIP: Sarasota, Florida 34232

The Bureau of Food Laboratories maintains A2LA accreditation to ISO/IEC 17025 for the specific tests listed in A2LA Certificates 2534.01 and 2534.02.

FL METHOD 690: Detection of Listeria monocytogenes Using FSIS Method		Batch ID: 18148
<input checked="" type="checkbox"/> accredited	Listeria Monocytogenes	Positive, Type 1

The surface tested contains Listeria monocytogenes.

Diane Pickett, Bureau Chief



## Investigation of an international outbreak of multidrug-resistant monophasic *Salmonella* Typhimurium associated with chocolate products, EU/EEA and United Kingdom. February to April 2022

### Case definition

The agreed European Union (EU) case definition for confirmed cases was laboratory-confirmed monophasic *S. Typhimurium* with symptom onset on or after 1 October 2021 and belonging to the same five SNP single linkage cluster by SNP typing or cases who clustered within five allelic differences of another confirmed outbreak strain by core genome multilocus sequence typing (cgMLST) analysis or shared the same HC5\_296366 by the Enterobase HierCC scheme [1]. This definition therefore depended on the whole genome sequencing (WGS) methodology used at the national level in each country (i.e SNP typing or cgMLST analysis). Probable cases were those with laboratory confirmation of monophasic *S. Typhimurium* with symptom onset on or after 1 October 2021 and phenotypic antimicrobial resistance (AMR) results consistent with the outbreak strain or a multilocus variable number tandem repeat analysis (MLVA) profile 3-11-14-NA-0211.

The field of infectious disease epidemiology for *Salmonella* has been considerably impacted by the adoption of next generation sequencing technologies combined with novel epidemiological approaches such as iterative open-ended interviewing [17]. The increasing use of WGS enables us to detect and resolve outbreaks more quickly, especially where common serovars such as *S.*

*Typhimurium* are involved, allowing consolidation of evidence implicating specific food vehicles of infection at the international level [18-20].





- Brote de listeriosis invasiva
- L. monocytogenes* ST 8



- Alemania, Dinamarca, Francia
- Dinamarca-Oct 2015: 1<sup>er</sup> caso; Alemania-Mayo 2018: caso
- Salmón ahumado RTE. Origen Polonia
- Identificado por WGS



### European whole genome sequencing analysis of human and non-human isolates

Initial WGS-based analysis for identifying possible outbreak-related isolates was performed in the Member States' public health institutes and national reference centres using national WGS pipelines. Raw sequence data (Denmark) or assemblies (France, Germany) from human *L. monocytogenes* isolates (12) matching the European case definition were collected by ECDC from national reference laboratories (NRLs)/centres of the FWD network. The EURL-*Lm* collected sequence data on five non-human isolates from the Danish (4) and French (1) reference centres and NRLs. WGS data analysis of human and non-human isolates was performed jointly by ECDC and the EURL-*Lm* using the same software and harmonised parameters. Sequences were analysed with BioNumerics version 7.6.3 (Applied-Maths, Sint-Martens-Latem, Belgium). The analysis of raw reads included trimming using the default BioNumerics 7.6.3 settings; *de novo* assembly using SPAdes v.3.7.1; post-assembly optimisation by mapping reads back onto the assembly and keeping the consensus. The default settings of BLAST parameters for allele calling were used, with the exception of identity percentage 70. cgMLST analysis was performed using assembly-based allele calling with the Pasteur scheme (Moura et al. 2016) in BioNumerics [7]. Isolates were retained in the analysis if at least 1 661 (95%) of the 1 748 core loci were detected. Isolates differing by seven or less cg alleles from any other outbreak isolate were considered as confirmed cases.

- 1360 hisopados ambientales: 8 + (0,59%)
- Recepción de materias primas: Elevador de tarimas, piso
- Área de maduración: rejilla de aguas negras
- Área de rebanado: cintas y rollos de líneas de pesaje
- Área de rebanado: rebanadora
- Área de fileteado: oficinas, departamento de fileteado.

País	Casos confirmados desde enero de 2017		Casos históricos anteriores a enero de 2017		Número total de Casos
	2018	2017	2016	2015	
Dinamarca	0	5	0	1	6
Francia	0	0	1	0	1
Alemania	1	4	0	0	5
<b>Total</b>	<b>1</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>12</b>

Casos del brote de *Listeria monocytogenes* por país, 2015-2018. EFSA-ECDC 2018



# DATOS...

● = Listeria

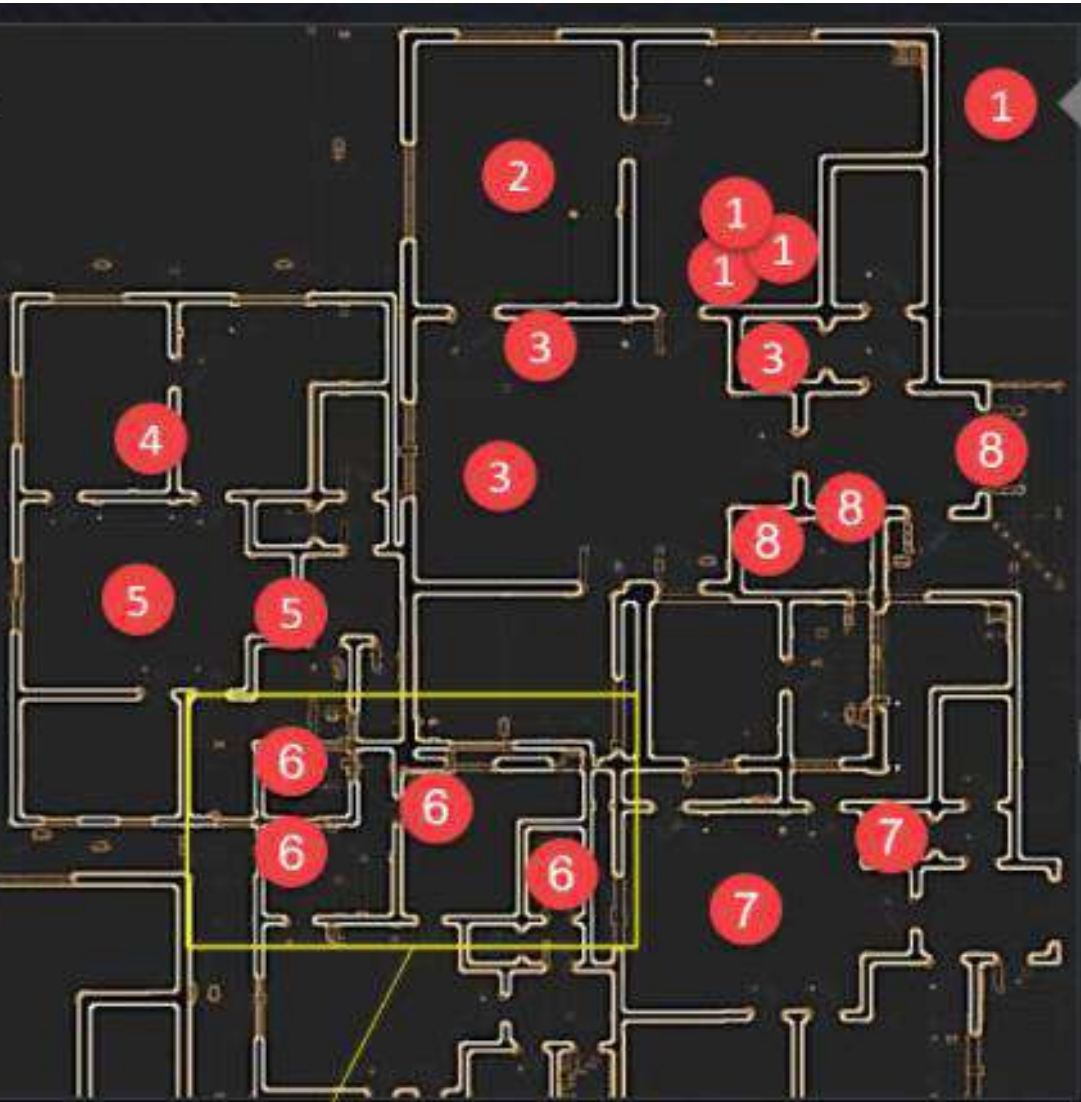
← *Ingredientes crudos*

→ *Producto terminado*



# INFORMACIÓN...

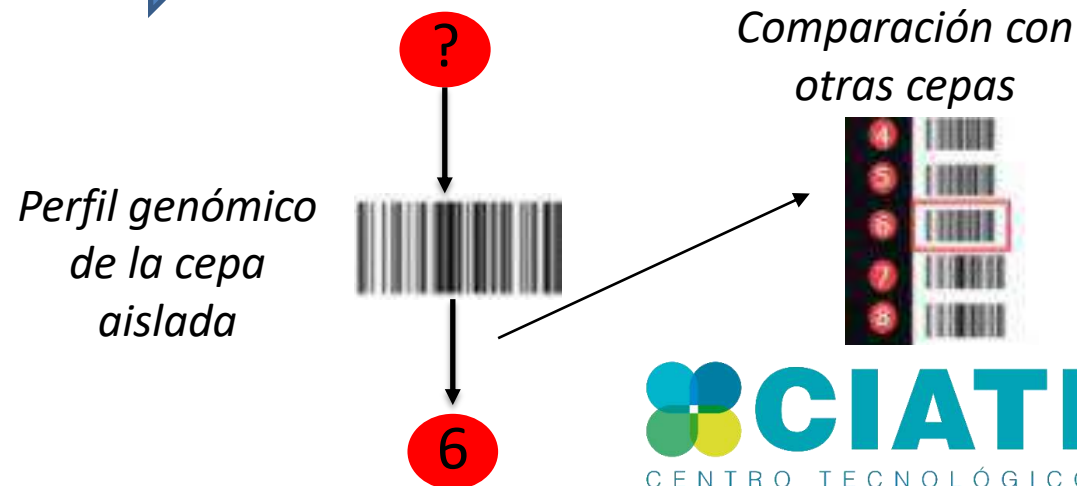
● = Listeria



← Ingredientes crudos

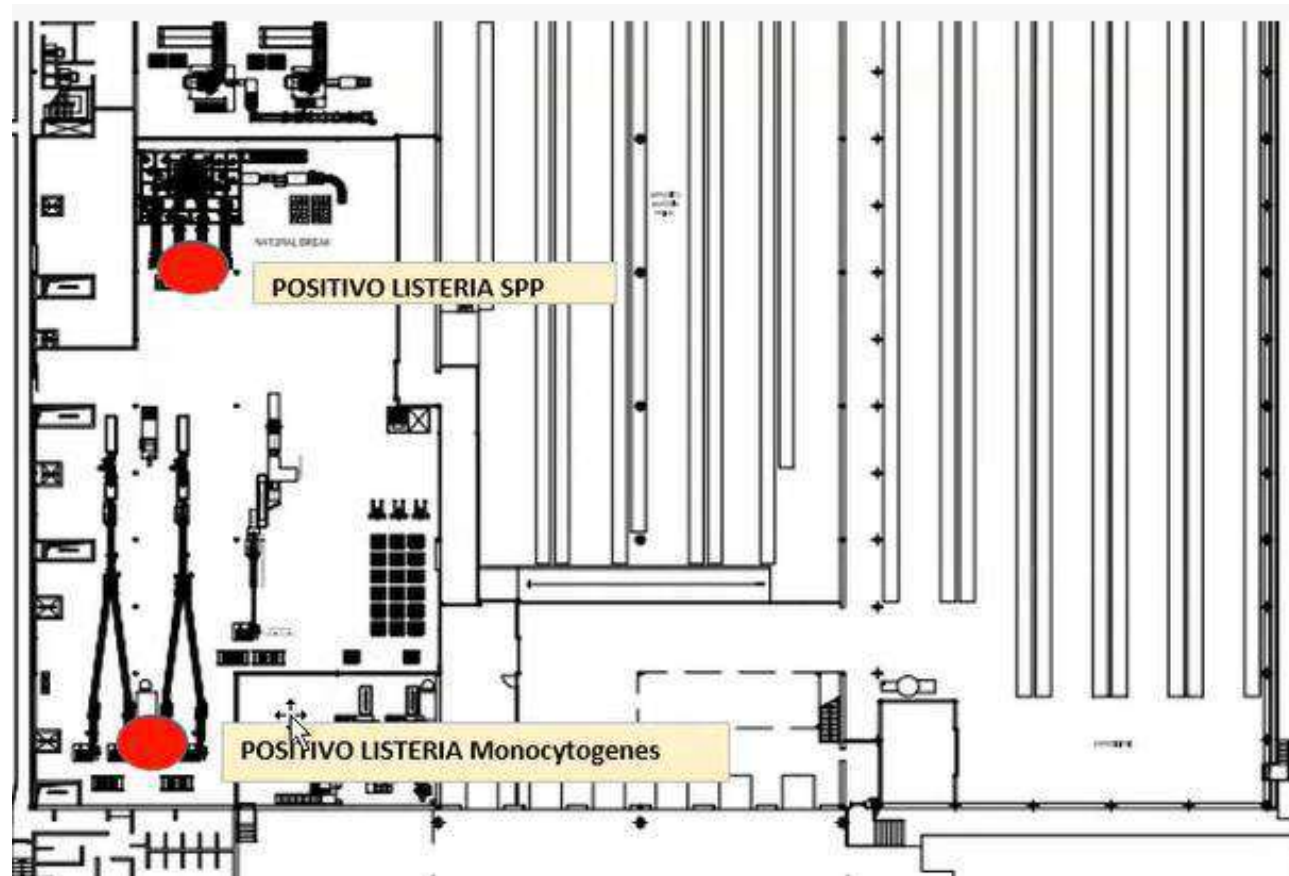
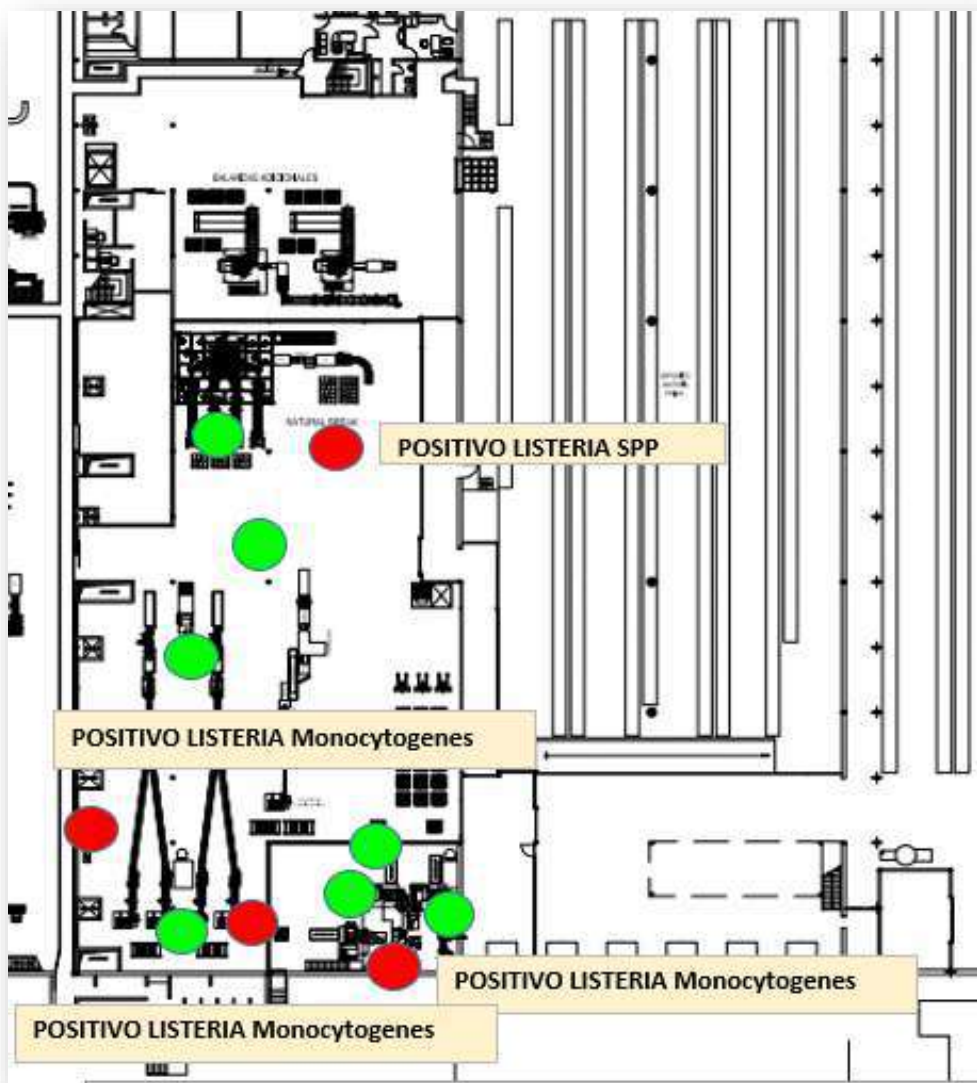


→ Producto terminado





# Desagües positivos para *Listeria spp* y *L. monocytogenes*





Contents lists available at ScienceDirect

## International Journal of Food Microbiology

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/ijfoodmicro](http://www.elsevier.com/locate/ijfoodmicro)

## Whole genome sequencing used in an industrial context reveals a *Salmonella* laboratory cross-contamination

Katia Rouzeau-Szynalski<sup>a,\*</sup>, Caroline Barretto<sup>a</sup>, Coralie Fournier<sup>b</sup>, Deborah Moine<sup>b</sup>, Johan Gimonet<sup>a</sup>, Leen Baert<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Nestlé Research, Vers-chez-les-Blanc, 1000 Lausanne 26, Switzerland

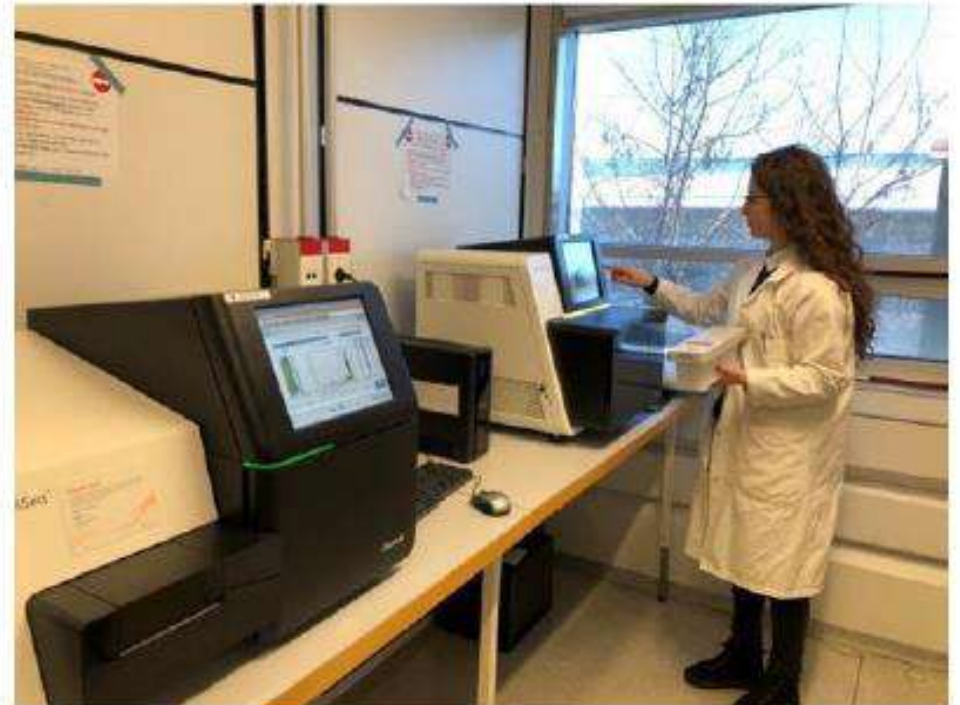
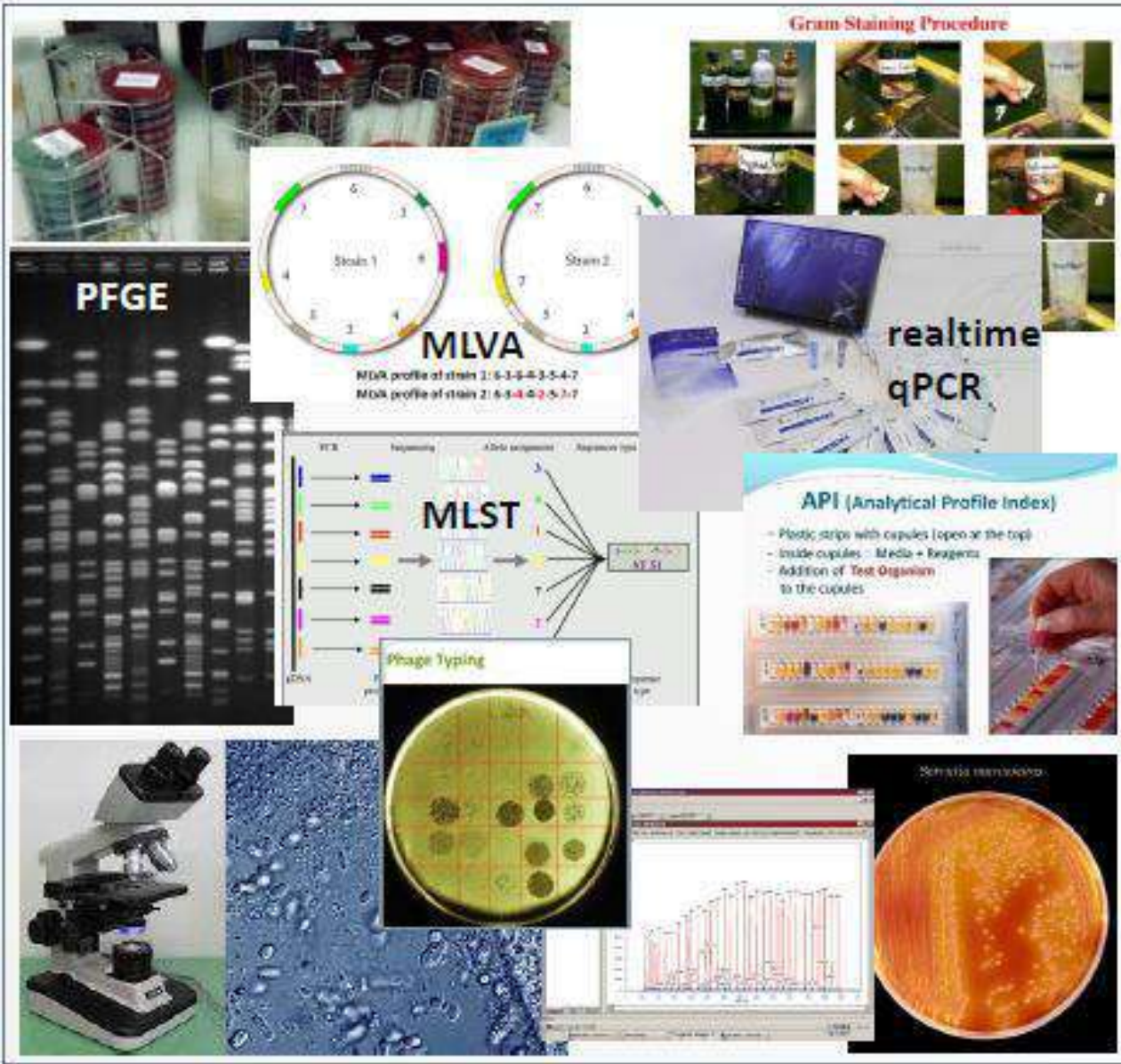
<sup>b</sup> Nestlé Research, EPFL Innovation Park, 1015 Lausanne, Switzerland

**Table 1**

S. Hadar isolates involved in the suspected laboratory cross-contamination event.

Isolate code	Origin of S. Hadar isolate	Isolation date
PIR00616	Proficiency test (PT) sample spiked with strain NCTC 9877	April 2013
PIR00618	Laboratory environmental sample (from the thermocouple in the incubator)	December 2013
PIR00503	Finished product sample (chocolate)	December 2013
PIR00534	Reference strain NCTC 9877, originally used in the PT	Acquired in February 2014 <sup>a</sup>

<sup>a</sup> Strain acquired from LGC bacterial reference collection.



## *Metodologías actuales*



## *Metagenómica*





## Primera Conferencia Internacional FAO/OMS/UA sobre Inocuidad Alimentaria

Addis Abeba, 12-13 de febrero de 2019

# PROGRAMA

### ACERCA DE LA CONFERENCIA

En la Conferencia se incluirán exposiciones y debates de paneles técnicos, así como paneles ministeriales en los que participarán funcionarios y expertos de Salud, Comercio y Agricultura con el fin de tratar cuestiones clave y acciones estratégicas sobre la inocuidad alimentaria. Los debates se centrarán en la puesta en común de perspectivas, nuevos problemas y ejemplos de las mejores prácticas. En las sesiones temáticas se tratarán:

- La carga de las enfermedades transmitidas por los alimentos y los beneficios de la inversión en la inocuidad alimentaria.
- Sistemas alimentarios seguros y sostenibles en una era de cambio climático acelerado.
- La ciencia, la innovación y la transformación digital al servicio de la inocuidad alimentaria.
- Facultar a los consumidores para que puedan tomar opciones saludables y dar apoyo a sistemas alimentarios sostenibles.

En cada uno de los cuatro temas se presentarán cinco aspectos sobre los que los oradores realizarán breves exposiciones durante la Conferencia y publicarán documentos antes de la reunión.

Los documentos de antecedentes se encuentran disponibles en el sitio web de la Conferencia:

[www.who.int/food-safety/international-food-safety-conference](http://www.who.int/food-safety/international-food-safety-conference)

## EL FUTURO DE LA INOCUIDAD ALIMENTARIA

Transformar los conocimientos en acción para la población, las economías y el ambiente

### OBJETIVOS

Determinar las medidas y estrategias clave para abordar los desafíos actuales y futuros a que se enfrentará a escala mundial la inocuidad alimentaria

Reforzar el compromiso al más alto nivel político de potenciar la inocuidad alimentaria en la Agenda 2030 para el Desarrollo Sostenible



Existe la necesidad de aumentar y mejorar las inversiones en inocuidad alimentaria que tengan visión de futuro y respondan a la situación de cada país.

Los gobiernos tienen una función que desempeñar para impulsar las inversiones del sector privado en la inocuidad de los alimentos.

SECUENCIACIÓN DEL GENOMA COMPLETO: APERTURA DEL CAMINO EN TODO EL MUNDO A UNA MEJOR COMPRENSIÓN DE LOS SISTEMAS ALIMENTARIOS

NUEVOS MODELOS Y MÉTODOS ANALÍTICOS PARA UNA MEJOR VIGILANCIA: CONSIDERACIONES ECONÓMICAS Y DE FIABILIDAD

COMPARTIR LA RESPONSABILIDAD PARA EL EMPODERAMIENTO DE LOS CONSUMIDORES





# GFSC 2016 Round-Up | El viaje de la seguridad alimentaria

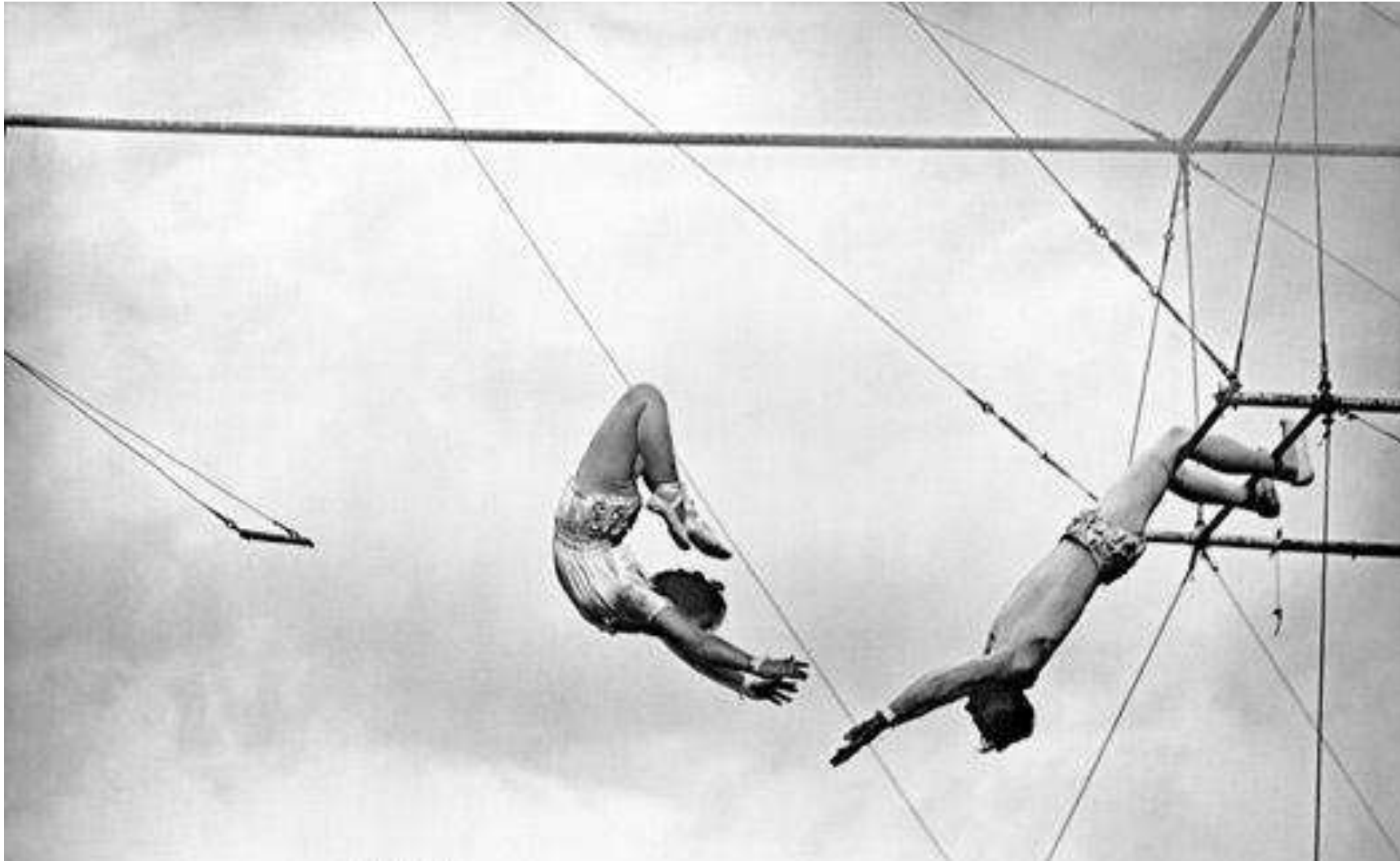
VIERNES 4 MARZO 2016


16 Mar 3 tecnologías que van a marcar el futuro de la seguridad alimentaria, conclusiones del GFSC2016

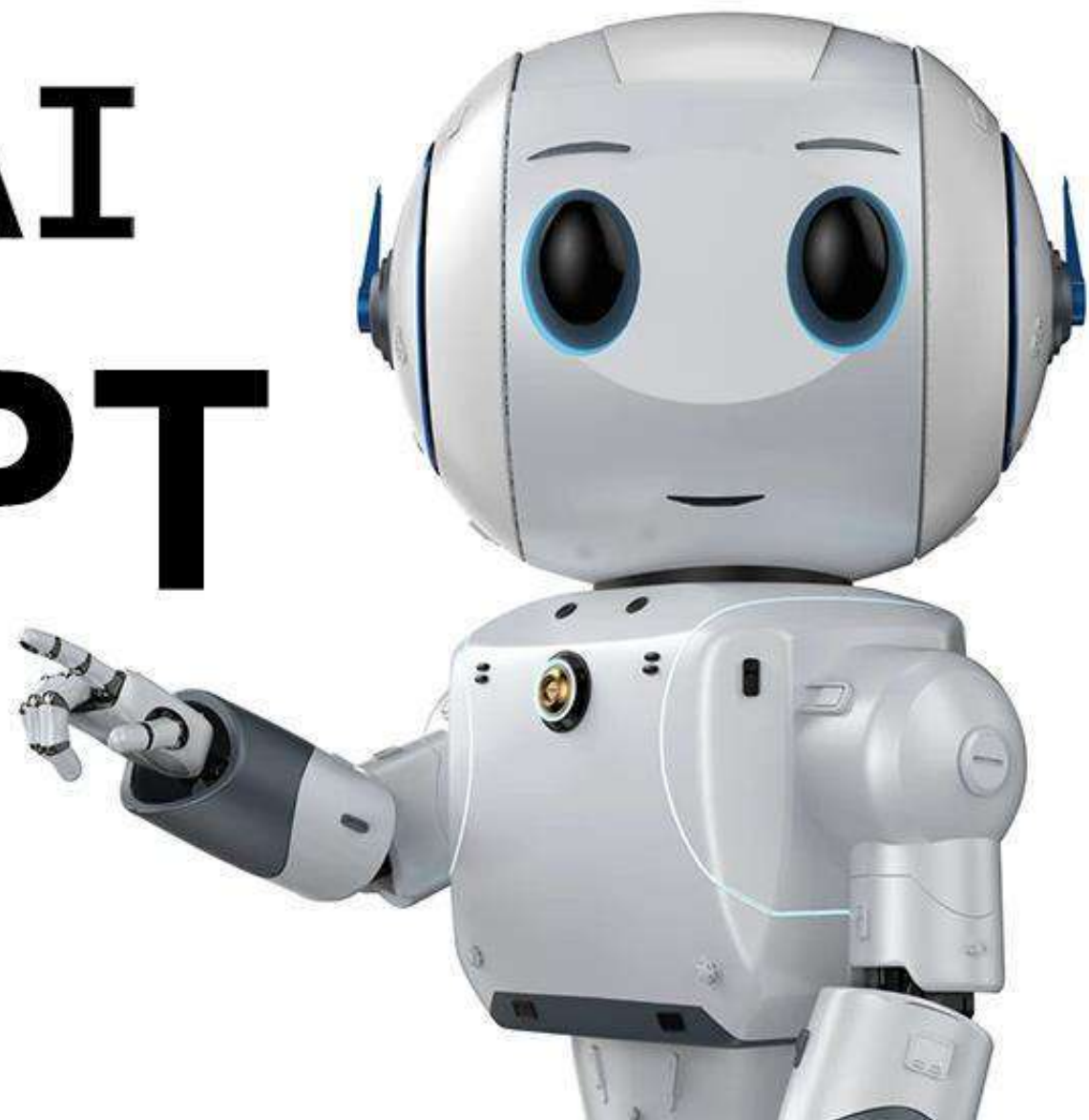
- La **genómica y metagenómica** aplicadas al control microbiológico, a la diagnosis de la contaminación microbiológica e incluso a la trazabilidad.
- La **huella espectrométrica** como técnica utilizada para garantizar la autenticidad de los productos y prevenir el fraude.
- El **Big Data**, el manejo, la gestión y análisis masivo de información para dar soporte a tecnologías como las dos precedentes o manejar información proveniente de todos los elementos de la cadena alimentaria.



*La confianza del consumidor es difícil obtenerla, pero muy fácil perderla..*



 OpenAI  
**ChatGPT**





JU

Hola...quería preguntarte lo siguiente: ¿Cual es utilidad de las herramientas de secuenciación masiva de ADN aplicadas a la microbiología de alimentos?



Las herramientas de secuenciación masiva de ADN aplicadas a la microbiología de alimentos tienen una amplia gama de utilidades y beneficios. Estas tecnologías han transformado el campo de la microbiología de alimentos al proporcionar una visión detallada y exhaustiva de la diversidad microbiana presente en los alimentos y su entorno. A continuación, se mencionan algunas de las utilidades más importantes:

1. **Identificación precisa de microorganismos:** Las herramientas de secuenciación masiva permiten la identificación precisa de microorganismos presentes en los alimentos, incluyendo bacterias, hongos, virus y otros patógenos. Esto es especialmente útil en la detección de microorganismos patógenos que pueden causar enfermedades transmitidas por alimentos.

2. **Caracterización de la diversidad microbiana:** Estas tecnologías permiten una caracterización detallada de la diversidad microbiana en los alimentos, incluyendo la identificación de especies, cepas y variantes genéticas. Esto es crucial para comprender la ecología microbiana de los alimentos, evaluar la seguridad alimentaria y mejorar la calidad del producto.
3. **Análisis de brotes de enfermedades transmitidas por alimentos:** La secuenciación masiva de ADN facilita el análisis de brotes de enfermedades transmitidas por alimentos al permitir la comparación de las secuencias genéticas de los microorganismos aislados de diferentes casos. Esto ayuda a rastrear la fuente de contaminación y tomar medidas rápidas para controlar y prevenir la propagación de la enfermedad.
4. **Detección de resistencia a los antimicrobianos:** Las herramientas de secuenciación masiva pueden ayudar a identificar genes de resistencia a los antimicrobianos en microorganismos presentes en los alimentos. Esto es esencial para monitorear y controlar la resistencia antimicrobiana y tomar decisiones informadas sobre el uso de antibióticos en la producción de alimentos.
5. **Evaluación de la calidad y seguridad de los alimentos:** La secuenciación masiva de ADN puede utilizarse para evaluar la calidad y seguridad de los alimentos al detectar microorganismos patógenos, deteriorantes y de interés sanitario. Esto permite un monitoreo más preciso y rápido de los alimentos a lo largo de la cadena de suministro y facilita la toma de decisiones en términos de seguridad alimentaria.
6. **Mejora de los programas de control y gestión de calidad:** Las herramientas de secuenciación masiva de ADN proporcionan información valiosa para mejorar los programas de control y gestión de calidad en la industria alimentaria. Al comprender mejor la composición microbiana de los alimentos y su entorno, se pueden implementar medidas preventivas más efectivas y ajustar los procesos de producción para garantizar la inocuidad y calidad del producto final.

JU

¿Considerás que la microbiología del futuro pasará por el uso de estas herramientas?



Sin duda, las herramientas de secuenciación masiva de ADN tendrán un papel fundamental en el futuro de la microbiología. Estas tecnologías han revolucionado la forma en que estudiamos y comprendemos los microorganismos, y han ampliado nuestras capacidades para analizar y caracterizar la diversidad microbiana de manera rápida y precisa.

En la microbiología, el análisis genómico y metagenómico mediante la secuenciación masiva de ADN ofrece numerosas ventajas en comparación con los métodos tradicionales. Permite la identificación precisa de microorganismos, incluso en muestras complejas, y facilita el estudio de la estructura y función de los genes microbianos. Además, nos ayuda a comprender mejor la ecología microbiana, incluyendo las interacciones entre microorganismos y su relación con la salud humana, la seguridad alimentaria, el medio ambiente y otros campos.

JU

¿Y para el año 2050? ¿Que peligros biológicos de importancia en alimentos se espera encontrar?



Hacia el año 2050, los posibles peligros biológicos en alimentos podrían estar influenciados por diversos factores, como el avance tecnológico, los cambios ambientales, la globalización y la evolución de enfermedades. Aquí se presentan algunas posibilidades, aunque es importante tener en cuenta que estas son especulaciones y pueden estar sujetas a cambios:

1. **Nuevas enfermedades zoonóticas:** La interacción entre humanos, animales y el medio ambiente puede dar lugar a la aparición de nuevas enfermedades zoonóticas transmitidas por alimentos. La urbanización, la deforestación, el cambio climático y la expansión de la agricultura pueden aumentar el riesgo de transmisión de patógenos de animales a humanos a través de la cadena alimentaria.

2. Agentes patógenos resistentes y superbugs: La resistencia a los antimicrobianos seguirá siendo un desafío importante en la salud pública. Es probable que se desarrollen y propaguen agentes patógenos resistentes a los medicamentos, lo que dificultará aún más el tratamiento de enfermedades transmitidas por alimentos. La resistencia a múltiples fármacos podría aumentar y afectar la eficacia de los antibióticos utilizados en la producción de alimentos y la medicina.
3. Nuevas tecnologías y alimentos sintéticos: El avance de las tecnologías de producción de alimentos, como la carne cultivada en laboratorio, los alimentos sintéticos y la impresión 3D de alimentos, podría plantear desafíos y preocupaciones relacionados con la seguridad alimentaria y los posibles riesgos biológicos asociados con estas nuevas formas de producción y consumo de alimentos.
4. Impacto del cambio climático en los alimentos: El cambio climático seguirá afectando la producción de alimentos y la seguridad alimentaria. Las alteraciones en los patrones de precipitación, las temperaturas extremas y los fenómenos climáticos pueden influir en la disponibilidad y calidad de los alimentos, aumentando el riesgo de contaminación microbiológica y la propagación de enfermedades transmitidas por alimentos.
5. Crisis alimentarias y conflictos: Las crisis alimentarias, como la falta de acceso a alimentos, la inseguridad alimentaria y los conflictos, pueden aumentar el riesgo de enfermedades transmitidas por alimentos. La falta de infraestructuras adecuadas, la falta de higiene y el desplazamiento de poblaciones pueden contribuir a la propagación de patógenos y la contaminación de los alimentos.

Es importante destacar que estas son especulaciones y que la respuesta a estos posibles desafíos requerirá un enfoque multidisciplinario que involucre a científicos, expertos en salud pública, agricultores, autoridades reguladoras y otros actores relevantes para garantizar la seguridad alimentaria y proteger la salud pública en el futuro.

# *Equipo de trabajo del laboratorio de microbiología*





*¡Gracias!*



*[juano@ciati.com.ar](mailto:juano@ciati.com.ar)*

