

Estudio de la Microbiota Bacteriana en la Producción de Carne de Cerdo: Su Importancia e Impacto.

**Ninoska Cordero**<sup>1</sup>, Maria Elena Morales<sup>1</sup>, Patricia Adiazola<sup>1</sup>, Catalina Jara<sup>1</sup>, Paola Navarrete<sup>1</sup>, Angelica Reyes-Jara<sup>1</sup>

<sup>1</sup>. Universidad de Chile, Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos, Santiago, Chile

En la producción de carne de cerdo, las superficies de equipos y herramientas pueden contaminarse con microorganismos, incluyendo patógenos y alterantes, que se transfieren a los alimentos durante las distintas etapas de producción. Caracterizar esta microbiota es crucial para asegurar la calidad e inocuidad de los productos cárnicos. Mientras que las técnicas de cultivo permiten cuantificar la carga microbiana, las técnicas de secuenciación masiva y el análisis bioinformático proporcionan una visión más completa de la diversidad microbiana. El objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad de la microbiota bacteriana presente en una planta de producción de carne de cerdo, mediante técnicas de cultivo y de secuenciación del gen 16S rRNA. Un total de 40 muestras de superficies (zona 1 y zona 2) y 20 muestras de carne fueron recolectadas durante toda la cadena productiva del corte chuleta de cerdo (13 etapas). Cada una de las muestras fue analizada respecto al recuento de: aerobios mesófilos (RAM), aerobios psicrotrofos (RAP), bacterias ácido lácticas (BAL), *Pseudomonas spp.*, y presencia de *Listeria monocytogenes* y *Salmonella*. Se seleccionaron 10 muestras de superficie y 11 de carne para extraer el ADN total, lo cual se realizó mediante el kit Qiagen Power Soil. Se amplificó y separó la región V3-V4 del gen ribosómico bacteriano. Se determinó la abundancia de diferentes Phylum y géneros bacterianos predominantes en las diferentes muestras. Los resultados mostraron que las superficies y las muestras de carne de cerdo estaban contaminadas con diversos microorganismos. En las superficies, las cargas de RAM y RAP variaron entre  $1 \times 10^2$ - $1,5 \times 10^4$  UFC/cm<sup>2</sup>. Solo una muestra de superficie tomada en la parte final del proceso mostró un valor de RAP de  $1 \times 10^5$  UFC/g. El 62,5% de las superficies estaban contaminadas con *Pseudomonas* ( $1 \times 10^2$ - $1 \times 10^3$  UFC/cm<sup>2</sup>); el 90% con Enterobacterias ( $1 \times 10^1$ - $1 \times 10^2$  UFC/cm<sup>2</sup>) y 35% con BAL ( $5 \times 10^1$ - $8 \times 10^3$  UFC/cm<sup>2</sup>). *L. monocytogenes* se encontró en una muestra de zona 2 y *Salmonella* no se detectó en las muestras analizadas. En las muestras de carne, RAM y RAP variaron entre  $7 \times 10^1$ - $1 \times 10^5$  UFC/g. BAL, *Pseudomonas* y Enterobacterias se detectaron en 20%, 40% y 65% de las muestras de carne respectivamente. No se detectaron *L. monocytogenes* ni *Salmonella* en las muestras de carne. El análisis genómico reveló que los Phylum predominantes fueron las Proteobacterias, seguidas de Firmicutes y Bacteroidota. *Pseudomonas* fue el género más abundante, seguido por *Acinetobacter* y *Psychrobacter*. En todas las muestras de carne, *Pseudomonas* fue el género predominante. La diversidad microbiana identificada resalta la complejidad de la contaminación en las distintas etapas de producción y la necesidad de mantener estrictos controles de calidad e inocuidad. Los resultados sugieren que las estrategias de monitoreo y las intervenciones preventivas deben ser específicas y adaptadas a los tipos de microorganismos predominantes, lo cual es crucial para minimizar los riesgos de contaminación y garantizar la calidad e inocuidad de los alimentos.

**Agradecimientos:**

