

Objetivos

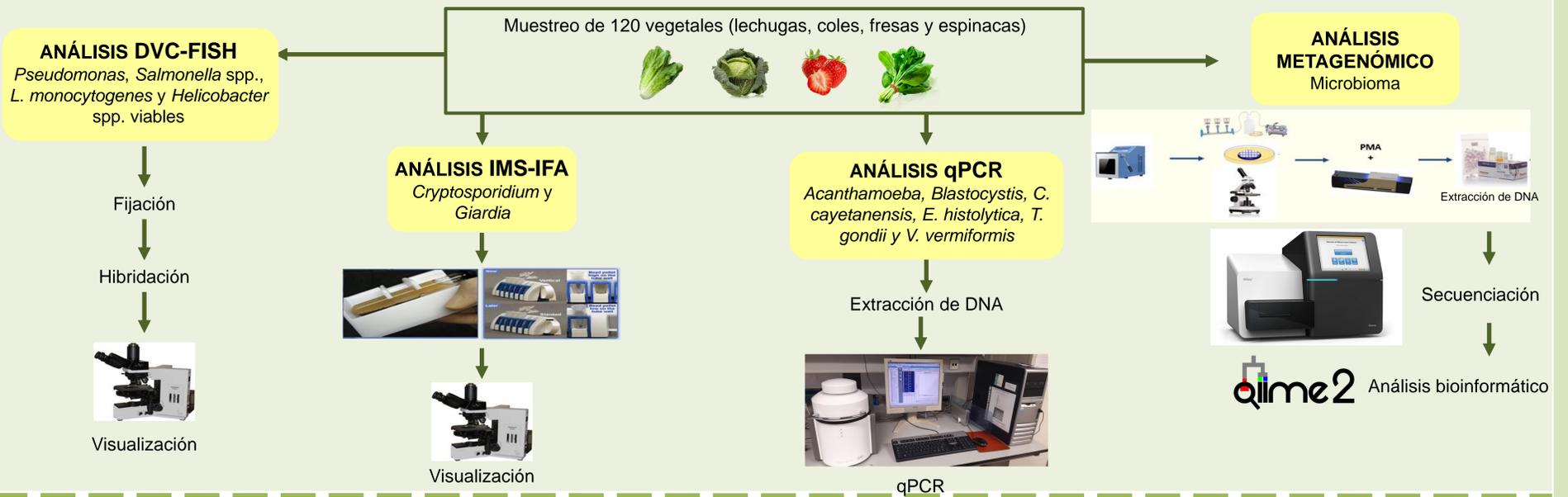
Generales:

- El objetivo general es el análisis del microbioma presente en productos vegetales orgánicos como convencionales.

Específicos:

- Análisis comparativo del microbioma bacteriano y de protozoos de vegetales orgánicos y convencionales mediante metagenómica (NGS).
- Determinación de la presencia de Amebas de Vida Libre (Free-Living Amoebae, FLA) y su papel como vehículos de transmisión de microorganismos patógenos en vegetales orgánicos y producidos convencionalmente.
- Detección e identificación de células viables de *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes*, *Pseudomonas* spp. y *Helicobacter* spp. como parte del microbioma de FLA detectadas en los vegetales orgánicos y en los convencionales.

Etapas de investigación



Resultados

ANÁLISIS DVC-FISH

Hasta ahora se han analizado un total de 35 muestras mediante DVC FISH, donde se han obtenido resultados positivos de *Salmonella* spp. y *Pseudomonas* spp.

DVC-FISH			
<i>Pseudomonas</i> spp.	<i>Salmonella</i> spp.	<i>L. monocytogenes</i>	<i>Helicobacter</i> spp.
31/35	1/35	0/35	0/35
88.57%	2.86%	0.00%	0.00%

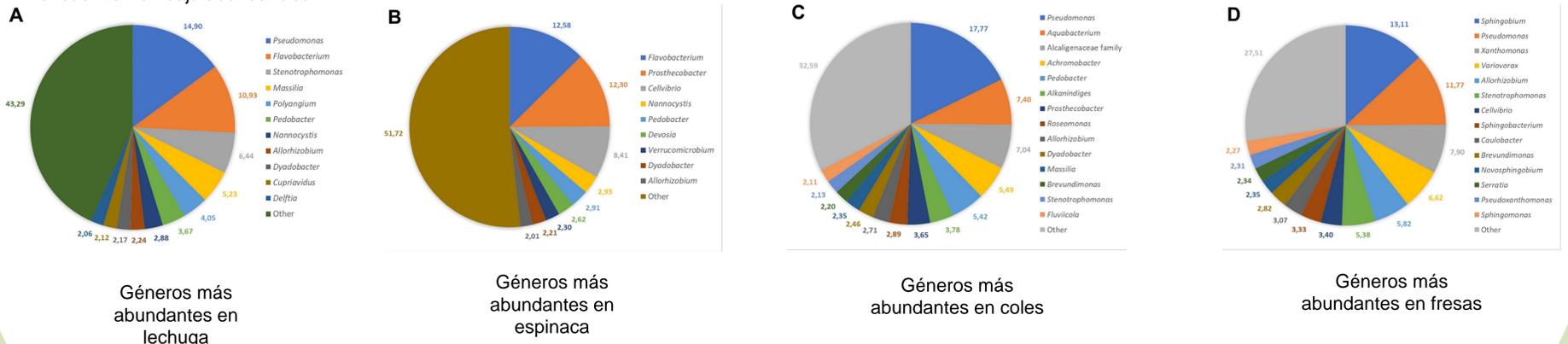
ANÁLISIS qPCR

Los resultados del análisis de qPCR y IMS-IFA han mostrado que las verduras de hoja verde y las fresas orgánicas pueden proporcionar una fuente de protozoos parásitos y FLA.

Product	qPCR						IMS-IFA	
	<i>Acanthamoeba</i> spp. (%)	<i>Blastocystis</i> sp. (%)	<i>C. cayetanensis</i> (%)	<i>E. histolytica</i> (%)	<i>T. gondii</i> (%)	<i>V. vermiformis</i> (%)	<i>Cryptosporidium</i> spp. (%)	<i>Giardia</i> sp. (%)
Lettuce	11/28 (39.3%)	1/28 (3.6%)	0/28 (0.0%)	0/28 (0.0%)	16/28 (57.1%)	10/28 (35.7%)	0/16 (0.0%)	0/16 (0.0%)
Spinach	20/30 (66.7%)	1/30 (3.3%)	0/30 (0.0%)	0/30 (0.0%)	14/30 (46.7%)	1/30 (3.3%)	0/14 (0%)	0/14 (0.0%)
Cabbage	24/30 (80.0%)	0/30 (0.0%)	11/30 (36.7%)	0/30 (0.0%)	4/30 (13.3%)	8/30 (26.7%)	4/19 (21.0%)	1/19 (5.2%)
Strawberry	15/22 (68.2%)	0/22 (0.0%)	3/22 (13.6%)	0/22 (0.0%)	7/22 (31.8%)	0/22 (0.0%)	0/10 (0.0%)	0/10 (0.0%)
Overall total	70/110 (63.6%)	2/110 (1.8%)	14/110 (12.7%)	0/110 (0.0%)	41/110 (37.2%)	19/110 (17.3%)	4/59 (6.8%)	1/59 (1.7%)

ANÁLISIS METAGENÓMICO

Hasta ahora se ha realizado el análisis metagenómico de 40 muestras (lechuga, col, espinaca, fresa). Los principales géneros bacterianos identificados como parte del microbioma FLA fueron *Pseudomonas* (11,53%) y *Flavobacterium* (7,23%). Más exactamente, en muestras de lechuga y col orgánica (Figura A y C) el género más abundante fue *Pseudomonas* mientras que en muestras de espinaca y fresa orgánicas fueron *Flavobacterium* y *Sphingobium*, respectivamente (Figuras B y D). Además, se detectaron varios géneros potencialmente patógenos entre el microbioma FLA, como *Pseudomonas*, *Flavobacterium*, *Stenotrophomonas*, *Pedobacter* o *Sphingobium*; aunque estos se encuentran en baja abundancia.



Agradecimientos

Esta Tesis Doctoral se ha financiado por el Ministerio de España, Ciencia, Innovación y Universidades gracias a la concesión del proyecto PID2019-105691RB-I00