



## **GARANTIZADO LA** inocuidad alimentaria desde el ADN

*La secuenciación del genoma completo puede hacer más que simplemente determinar la fuente de un brote de enfermedad transmitida por los alimentos con gran rapidez y precisión, sin embargo, su implementación en América Latina parece aún distante.*

**S**abía que es posible rastrear un brote de enfermedad transmitida por alimentos a través de pruebas de ADN. Y aunque parezca propio de una serie de ciencia ficción, en la actualidad, la secuenciación del genoma completo (WGS, por su sigla en inglés) abrió una nueva era para la gestión de la inocuidad alimentaria.

Palabras más, palabras menos: WGS permite a los expertos en seguridad alimentaria identificar la secuencia de ADN de un organismo de manera rápida y eficiente, a través de la determinación del orden de los nucleótidos o bases del ADN en un genoma: el orden de As, Cs, Gs y Ts que componen el ADN de todos los seres vivos.

A diferencia del genoma humano, compuesto de casi 4 mil millones de estas letras genéticas en secuencia, las bacterias tienen muchos menos genes y letras genéticas. Cuando se trata de brotes, los científicos estudian el genoma de las bacterias que causan enfermedades, llamadas patógenos, con el fin de identificar su huella digital.

Esta tecnología contribuye positivamente a la investigación epidemiológica de brotes transmitidos por los alimentos, a la identificación de amenazas emergentes para la salud, a la caracterización del genoma de aislados bacterianos y a la identificación de virulencia, resistencia a los antimicrobianos (AMR) y otros genes relevantes en muestras complejas, por lo que no es extraño

que se haya convertido en el tema predilecto de debate en el último lustro.

Antes de WGS, el mejor método para detectar y rastrear brotes de enfermedades transmitidas por los alimentos y eventos de contaminación era la electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE, por su sigla en inglés), la cual tuvo un enorme impacto positivo en la seguridad alimentaria después de su adopción generalizada a fines de la década de 1990.

Este éxito se debió, en gran parte, a PulseNet, una red internacional de laboratorios que rastrea las huellas dactilares PFGE de varios patógenos transmitidos por los alimentos, obtenidas de muestras clínicas, así como muestras ambientales y de alimentos, sin embargo, WGS ofrece una caracterización de subtipos mucho más poderosa que PFGE, gracias a la caracterización de casi todo el ADN bacteriano.

Según Eric Brown, Ph.D., director de la División de Microbiología del Centro de Seguridad Alimentaria y Nutrición Aplicada de la Agencia de Administración de Alimentos y Medicamentos, FDA, los patógenos transmitidos por los alimentos tienen millones de genomas diferentes o secuencias de código genético. Así lo explica: “Piense en Salmonella, por ejemplo, como una tribu de muchos miles de patógenos sutilmente diferentes. Cada miembro de esa tribu es único, al igual que cada huella dactilar es única. De la misma manera, cada persona es única. La secuenciación del genoma completo nos ayuda a descifrar el código genético. ¿Cómo?, un patógeno puede evolucionar muy rápidamente y comenzar a adquirir firmas genéticas únicas que lo identifican como proveniente de una región geográfica particular. Sin embargo, al combinar la información genómica con la información geográfica, podemos reducir la búsqueda de la fuente de un ingrediente alimentario contaminado, incluso si se encuentra al otro lado del mundo”.

Y es que a la par que WGS ha evolucionado de

una herramienta de investigación a un instrumento práctico de gestión de la inocuidad de los alimentos, también se han desarrollado una serie de herramientas y software bioinformáticos para permitir análisis continuos de los datos secuenciados de patógenos transmitidos por los alimentos, lo que ha contribuido a que esta tecnología ya sea una herramienta de rutina para identificar y caracterizar patógenos en países desarrollados, los cuales están almacenando sistemáticamente cantidades significativas de datos relevantes.

---

*La incorporación de WGS puede ser extremadamente limitada en América Latina, debido a la limitada capacidad de sus sistemas nacionales de control de alimentos con recursos e infraestructura.*

---

En este aspecto, la FDA ha encabezado un esfuerzo internacional para construir una red de laboratorios que puedan secuenciar los genomas de los patógenos transmitidos por los alimentos, los cuales puedan compartir la información recopilada en la base de datos de acceso público, GenomeTrakr, presentada desde 2012 y que integra los laboratorios de seguridad alimentaria internacionales, estatales, federales y de la FDA que se dedican a compartir datos WGS a escala mundial.

## **LOS INTERROGANTES**

No hay duda que WGS brinda nuevas oportunidades para mejorar la seguridad alimentaria bacteriana, pero también genera algunas preocupaciones, entre ellas, las manifestadas por el Comité Científico de la Agencia Federal para la Seguridad de la Cadena Alimentaria de Bélgica, (FASFC, por

su sigla en inglés), quienes señalaron que, además de existir limitaciones para la implementación rutinaria y uniforme, se deben hacer esfuerzos para validar la metodología WGS y facilitar el intercambio y la comparación de datos.

Los investigadores Kim Feys, Xavier Van Huffel y Lieve Herman resaltaron que cuando se utilice WGS para subtipificar cepas, como parte de la investigación de un brote, se deben usar métodos validados o reconocidos internacionalmente y herramientas bioinformáticas, e interpretarse de acuerdo con el patógeno involucrado y teniendo en cuenta la evidencia epidemiológica y los metadatos de las cepas. Estos datos deben incluir cosas como la ubicación, la fuente de aislamiento, la fecha de recolección, la organización que realiza la recolección y los nombres de muestras y cepas.

Igualmente, recomendaron que los resultados basados en WGS sobre la relación de las cepas en las investigaciones de brotes sean interpretados por un equipo multidisciplinario que incluya microbiólogos, bioinformáticos y epidemiólogos con experiencia suficiente.

También advirtieron, que no es posible definir un umbral claro para el número de diferencias genéticas entre cepas de una fuente común, por lo cual, los datos WGS deben combinarse con metadatos que informen la parte epidemiológica de los brotes, según los científicos.

A lo anterior se suma la cuestión del costo. WGS generalmente sigue siendo más costoso que PFGE, incluso debido a los costos asociados con el análisis de datos WGS. Se estima que estos costos podrán disminuir a medida que las herramientas bioinformáticas maduren.

Y aunque, algunos han citado costos de secuenciación de un genoma completo de un aislado de Salmonella o Listeria de alrededor de US\$ 50, que es menos de lo que normalmente se cobra por PFGE, estos valores tan bajos no suelen estar disponibles comercialmente y requieren una economía de escala considerable. <sup>(14)</sup>

## Los mejores ingredientes de Estados Unidos, a tu alcance con Food Export USA

La Asociación **Food Export (Food Export Association of the Midwest USA y Food Export USA - Northeast)** apoya a los importadores colombianos en la creación de relaciones comerciales con proveedores de ingredientes de la región Medio Oeste y Noreste de los Estados Unidos, dando acceso abundante a una amplia variedad de ingredientes y productos alimenticios estadounidenses innovadores, vanguardistas y de alta calidad.



Conoce más de nosotros escaneando el siguiente código

