



Aislamiento de cepa chilena *Komagataeibacter* en vinagre de manzana



Sofía Campos-Gajardo¹, Omar P. Vallejos¹, Lucas Vásquez-Herrera¹, Alejandro Piña-Iturbe², Daniel Tichy², Alexis M. Kalergis^{1,3}, Andrea Moreno-Switt², Susan M. Bueno^{1*}

¹ Millennium Institute on Immunology and Immunotherapy, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. ² Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. ³ Departamento de Endocrinología, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

e-mail: sbuenor@uc.cl

INTRODUCCIÓN

El vinagre de cidra de manzana (VCM) es un producto fermentado tradicional reconocido por sus propiedades beneficiosas para la salud. En Chile, particularmente en las regiones del sur, la producción de VCM está profundamente arraigada en las prácticas culturales y se ha conservado a través de generaciones. La fermentación del VCM está impulsada principalmente por bacterias del ácido acético (BAA), conocidas por su capacidad para sintetizar polisacáridos extracelulares como el levan y la celulosa. Sin embargo, la composición microbiana del vinagre de sidra de manzana artesanal sigue estando mal caracterizada. En este estudio, caracterizamos la comunidad microbiana y las bacterias dominantes del ácido acético presentes en una muestra de vinagre de sidra de manzana artesanal del sur de Chile.

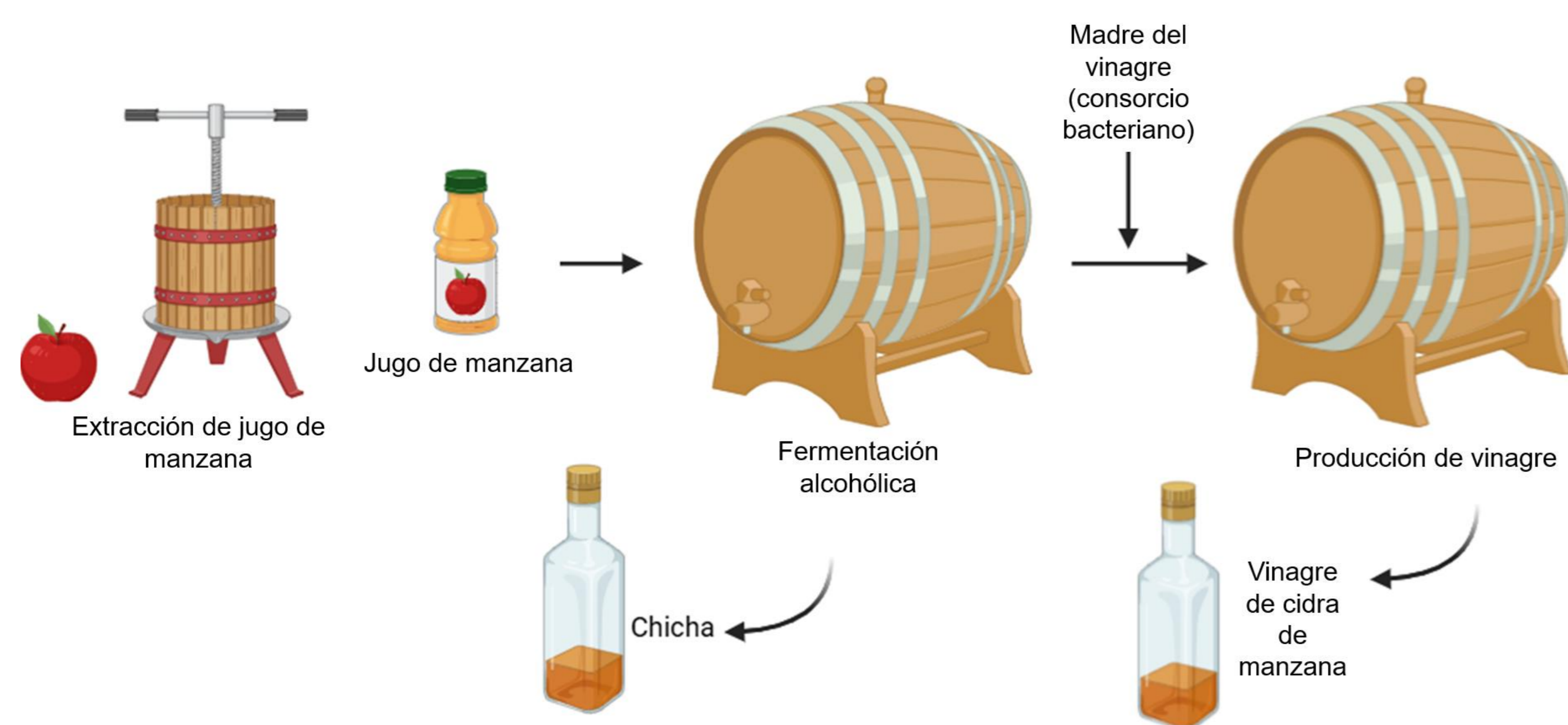


Diagrama 1. Proceso tradicional de producción de vinagre de cidra de manzana.

HIPÓTESIS Y OBJETIVO

Hipótesis: VCM del sur de Chile está compuesto por diversas bacterias del ácido acético.

Objetivo: Analizar la composición microbiana del VCM artesanal producido en el sur de Chile.

MATERIALES Y METODOS

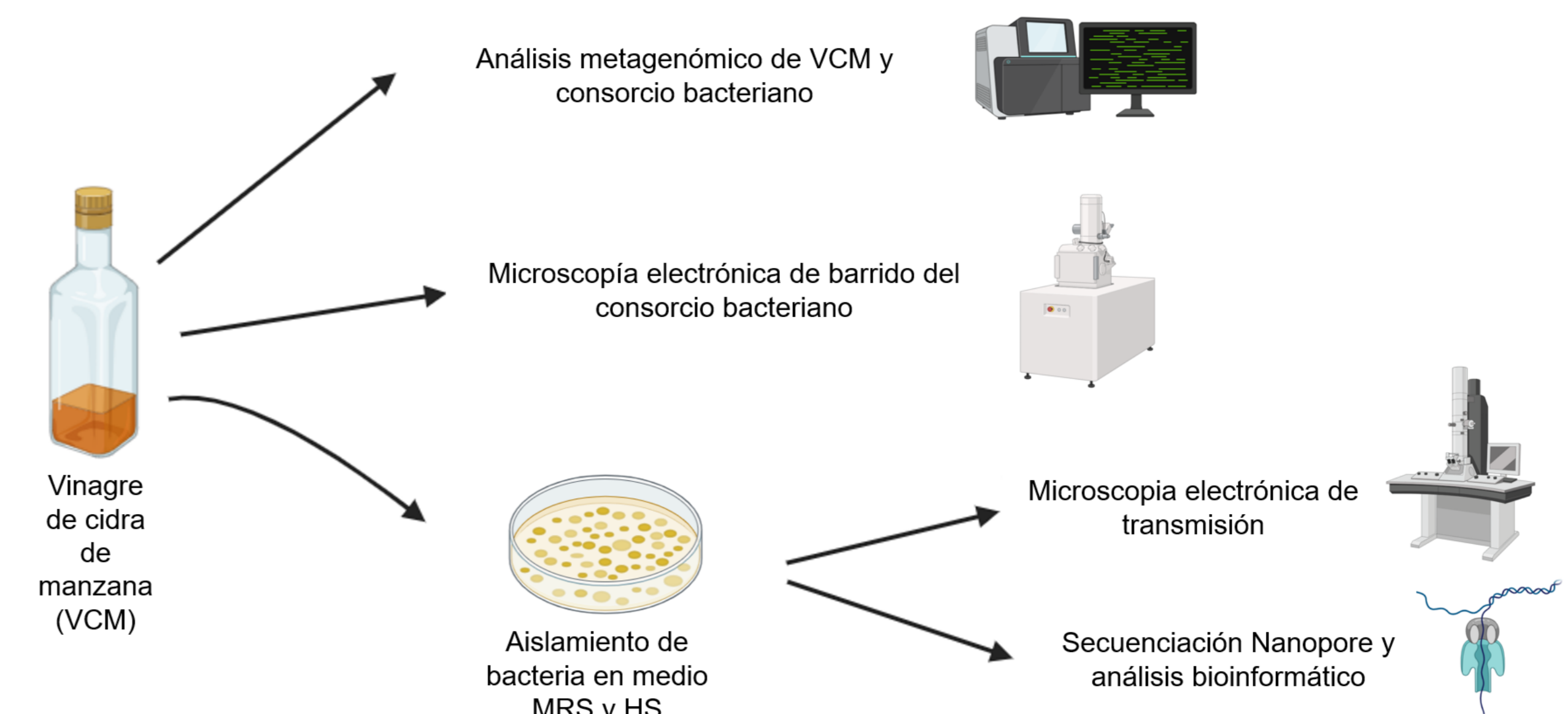


Diagrama 2. Metodología experimental para análisis de muestra de vinagre.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

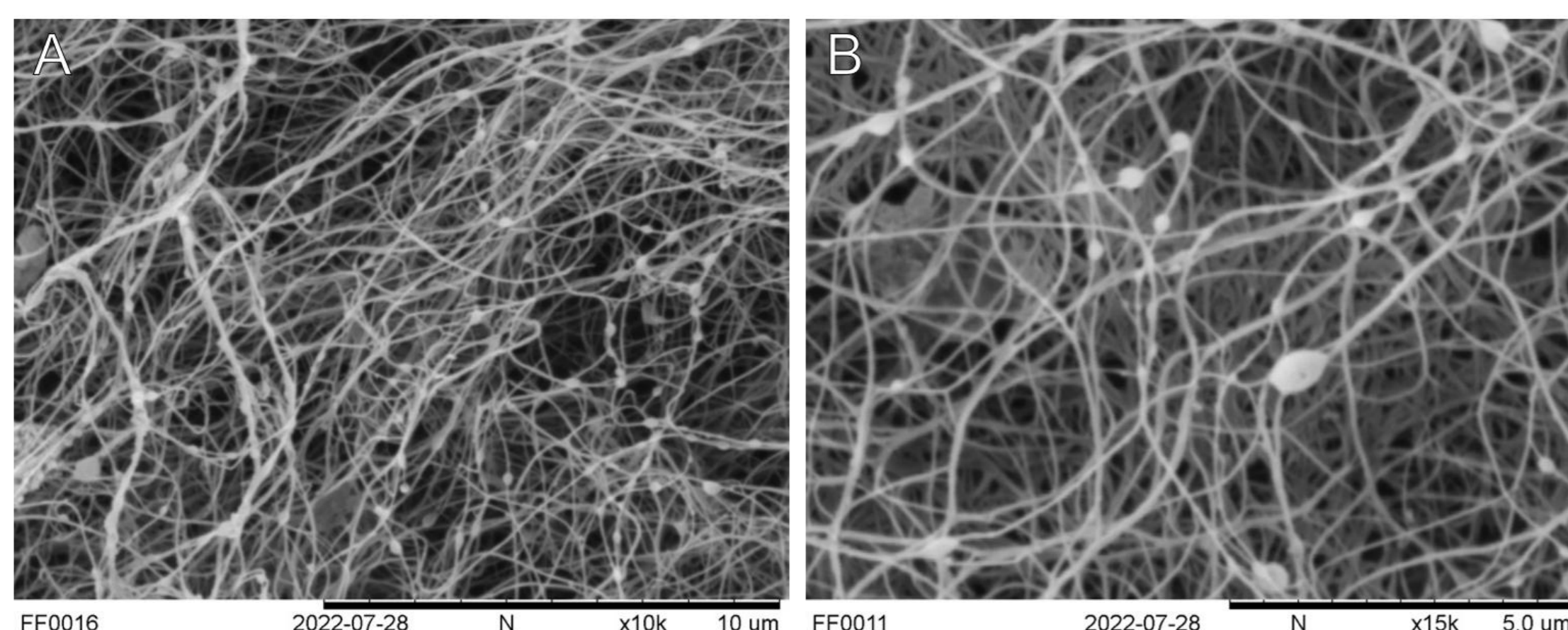


Figura 1. Microscopía electrónica de barrido (MEB) del consorcio bacteriano a partir de vinagre de sidra de manzana artesanal (VCM). (A) Vista de bajo aumento (10,000x) que muestra una red extensa y densa de fibras de polisacáridos similares a la celulosa que forman una matriz tridimensional. (B) Un aumento mayor (15,000x) revela formas similares a bacterias incrustadas y asociadas con la red de fibras, lo que sugiere una colonización activa y una posible síntesis microbiana de la matriz. Barras de escala: (A) 10 µm; (B) 5 µm.

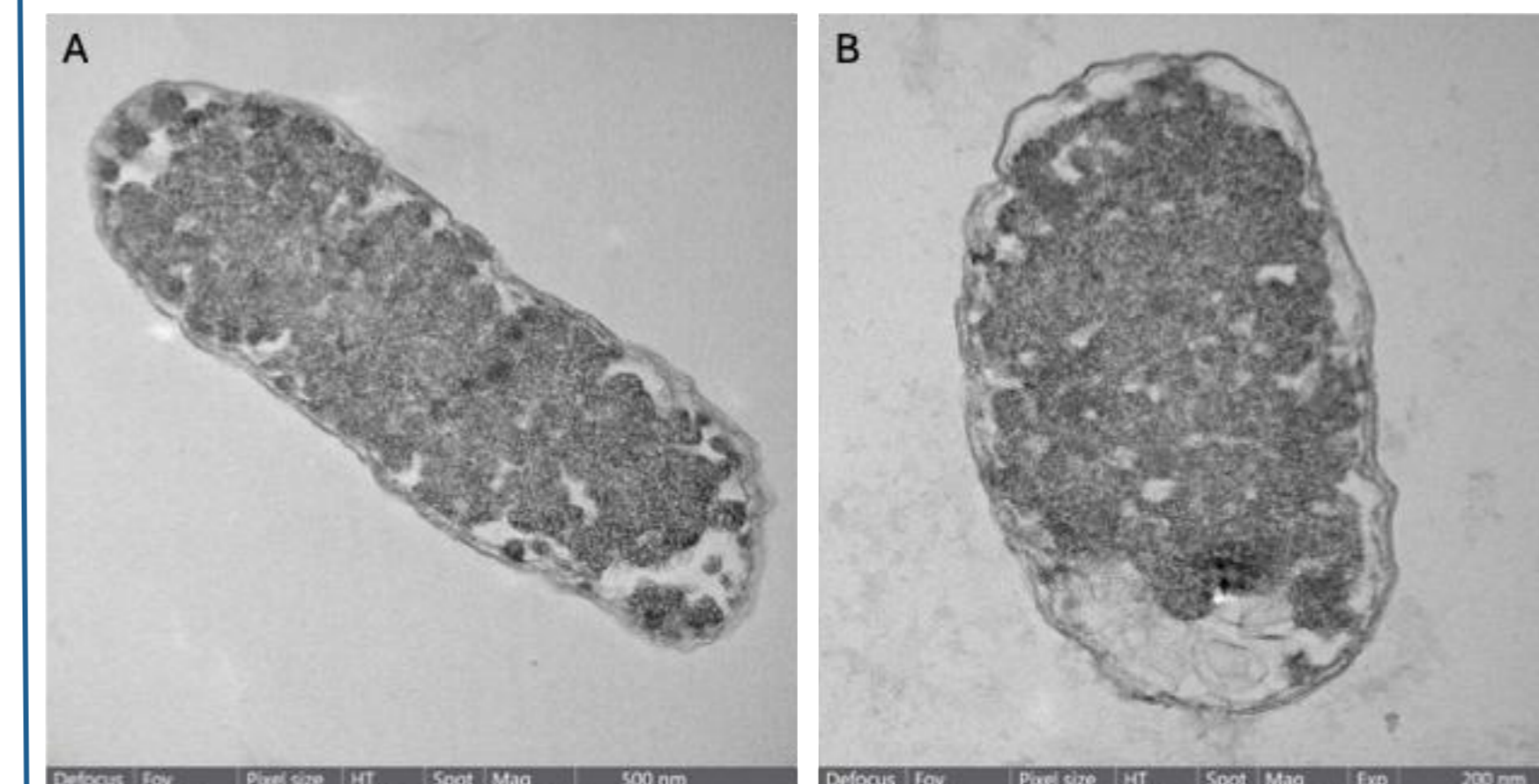


Figura 3. Análisis ultraestructural de la bacteria aislada mediante microscopía electrónica de transmisión (MET). Imágenes MET representativas de vistas longitudinales (A) y transversales (B) del *Komagataeibacter uvacetii* FXV3 aislado. La envoltura bacteriana exhibe la arquitectura característica Gram-negativa, sin polisacáridos capsulares observables que rodeen la célula, de acuerdo con las características reportadas de las especies de *Komagataeibacter*. Aumento: (A) 28.000x, barra de escala: 500 nm; (B) 36.000x, barra de escala: 200 nm.

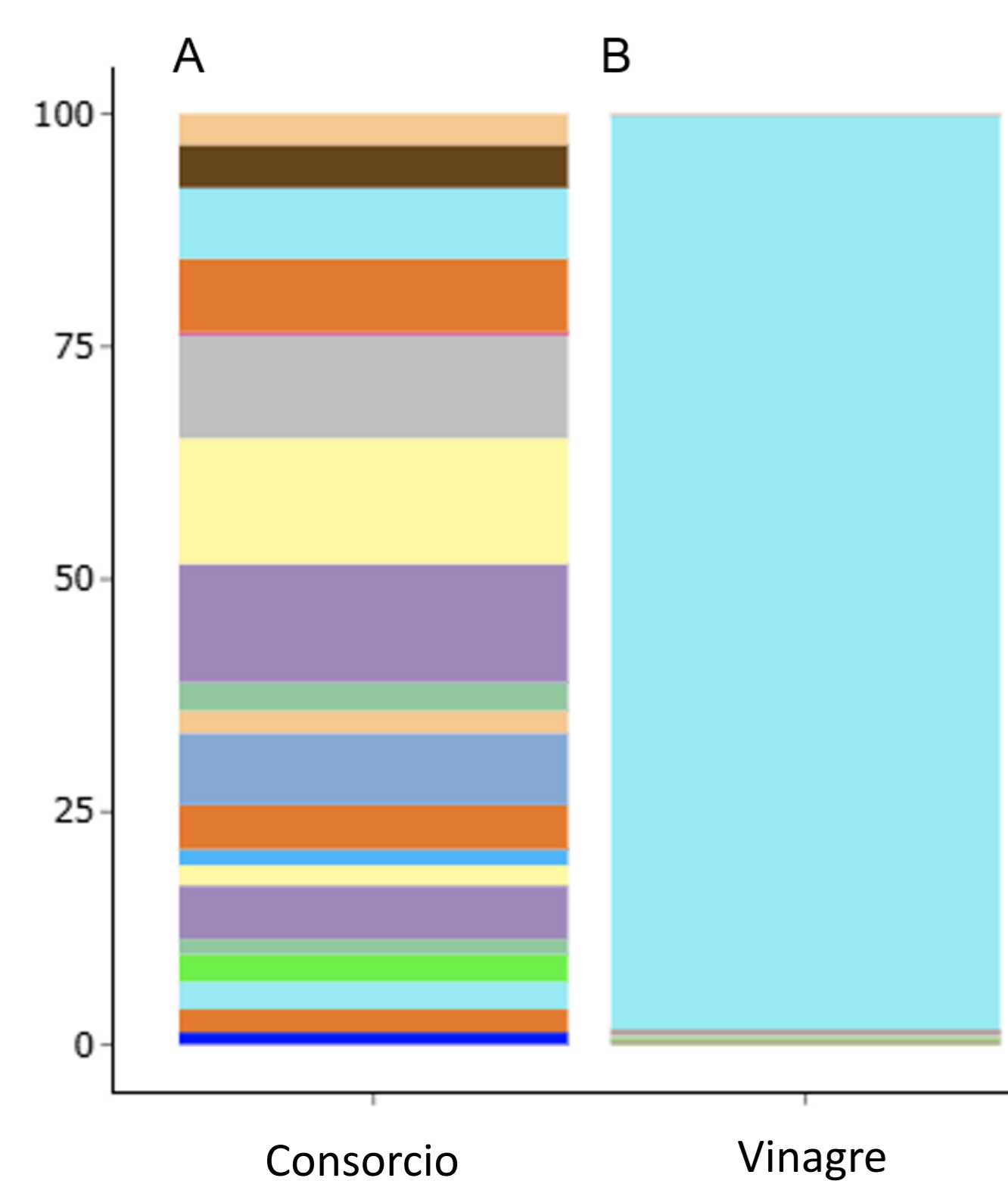


Figura 2. Composición taxonómica de las comunidades bacterianas en el vinagre de sidra de manzana artesanal (VCM). Análisis metagenómico basado en la secuenciación del gen 16S rRNA que muestra la abundancia relativa de especies bacterianas en dos tipos de muestras: el consorcio bacteriano (A) y el vinagre líquido (B). El consorcio bacteriano mostró una microbiota más diversa con múltiples taxones representados, mientras que un solo taxón de *Komagataeibacter* dominó casi por completo la muestra de vinagre. Los colores indican distintos taxones bacterianos a nivel de especie, como se indica a la derecha. El color azul claro indica taxones de *Komagataeibacter*.

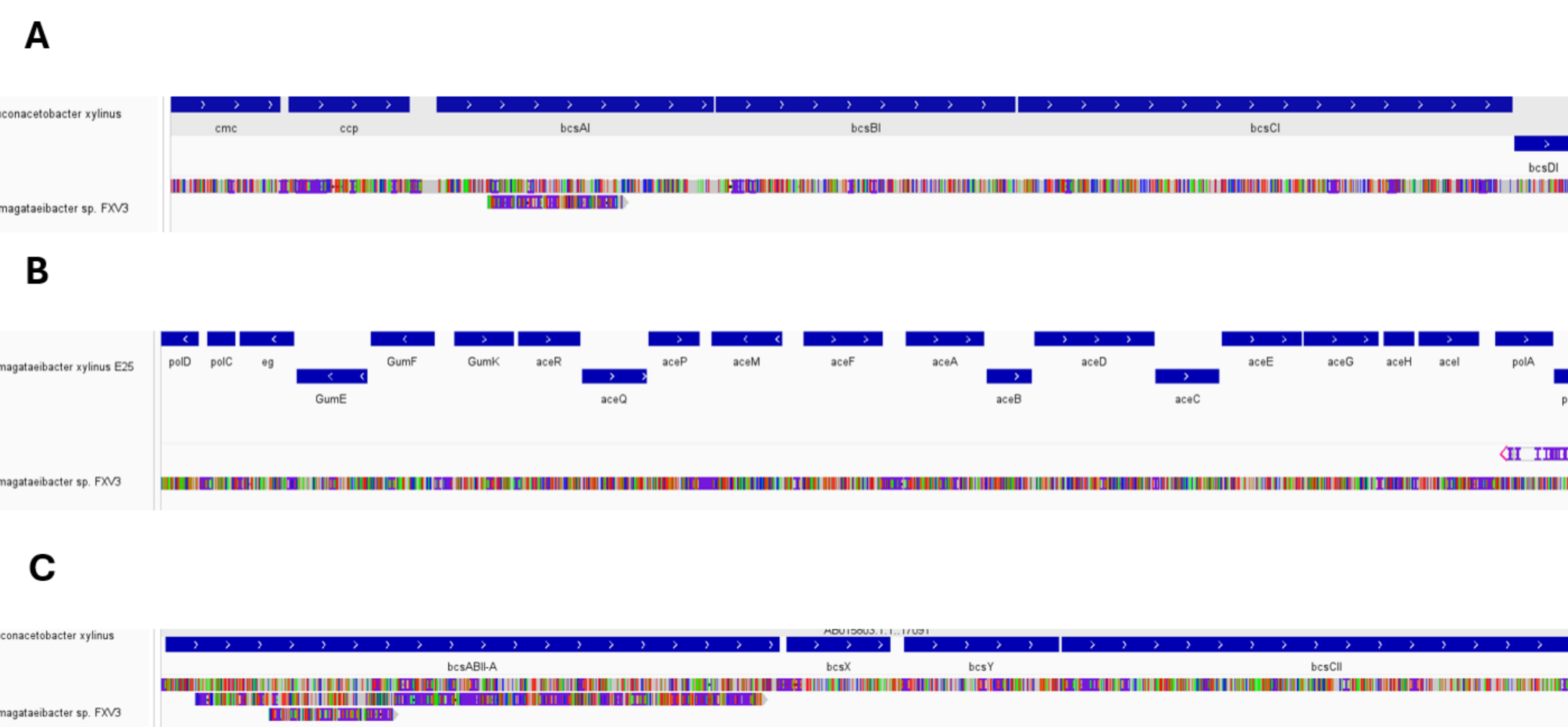


Figura 4. Organización genómica de grupos de genes biosintéticos de exopolisacáridos en *Komagataeibacter uvacetii* FXV3. (A) Operón de biosíntesis de celulosa tipo I (*bcsABCD*), incluidos los genes reguladores río arriba (*cmc*, *ccp*), alineados con el genoma de referencia de *Gluconacetobacter xylinus*. (B) Grupo de genes de biosíntesis de acetan de *Komagataeibacter xylinus* E25 alineado con *K. sp. FXV3*, que muestra genes conservados como *gumF*, *gumK* y componentes del operón *ace*. (C) Operón de celulosa tipo II (*bcsABII*, *bcsX*, *bcsY*, *bcsCII*) alineado contra *Gluconacetobacter xylinus*. En cada panel, los cuadros azules representan genes anotados en el genoma de referencia, mientras que las pistas de color a continuación indican la alineación de contigs de *K. sp. FXV3*. Las líneas de colores corresponden a desajustes de secuencia. Las alineaciones se generaron con *minimap2*, corroboradas por *BLASTn* y visualizadas utilizando *Integrative Genomics Viewer (IGV)*.

CONCLUSIÓN

Concluimos que el VCM está dominado principalmente por una cepa de *Komagataeibacter* que se aisló con éxito y cuyo genoma fue secuenciado utilizando la tecnología Nanopore. El análisis genómico confirmó la presencia de operones completos para la biosíntesis de celulosa bacteriana y levan. Las imágenes de MET mostraron que esta cepa carece de polisacáridos capsulares, potencialmente relacionados con un mecanismo alternativo de resistencia a los ácidos. Se requiere un análisis de un mayor número de muestras de VCM para establecer a *Komagataeibacter* como la cepa dominante en el VCM chileno.

REFERENCIAS

Vera-Santander, V. E., Hernández-Figueroa, R. H., Jiménez-Munguía, M. T., Mani-López, E., & López-Malo, A. (2023). Health benefits of consuming foods with bacterial probiotics, postbiotics, and their metabolites: a review. *Molecules*, 28(3), 1230. <https://doi.org/10.3390/molecules28031230>
Cortés Belmar, M., & Boza Martínez, S. (2017). Patrimonio agroalimentario en el sur de Chile: un elemento para el desarrollo territorial. <https://repositorio.uchile.cl/handle/2250/145528>
Lynch, K. M., Zannini, E., Wilkinson, S., Daenen, L., & Arendt, E. K. (2019). Physiology of acetic acid bacteria and their role in vinegar and fermented beverages. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 18(3), 587-625. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.12440>
Tonouchi, N. (2016). Cellulose and other capsular polysaccharides of acetic acid bacteria. *Acetic acid bacteria: Ecology and physiology*, 299-320.
Gao, M., Li, J., Bao, Z., Hu, M., Nian, R., Feng, D., An, D., Li, X., Xian, M., & Zhang, H. (2019). A natural in situ fabrication method of functional bacterial cellulose using a microorganism. *Nature communications*, 10(1), 437. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07879-3>

AGRADECIMIENTOS

