

28 Noviembre 2024

# Aplicaciones de las nuevas tecnologías de secuenciación en seguridad y fraude alimentario

**Rubén Melgarejo**

---

Territory Account Manager  
rmelgarejo@illumina.com

**David Fuentes**

---

Inside Sales Account Manager  
dfuentes1@illumina.com

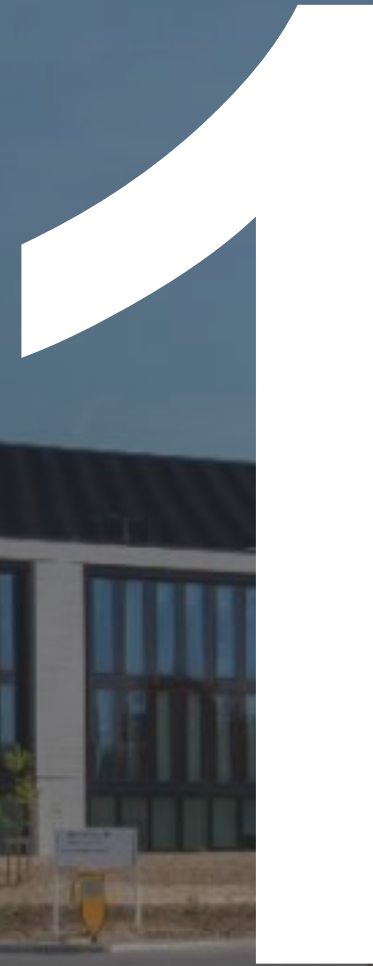
**Joaquín Martínez**

---

Field Applications Scientist  
jmherrera@illumina.com

# ¿Quiénes somos?

---



illumina®

For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures.  
Confidential—For Internal Use Only.

# Where We Are



## United States

- San Diego (Headquarters)
- Foster City
- Hayward
- Baltimore
- Madison

## Brazil

- São Paulo

## United Kingdom

- Cambridge

## Belgium

- Mechelen

## France

- Évry
- Rennes

## Germany

- Berlin

## Italy

- Milan

## Israel

- Tel Aviv

## Netherlands

- Eindhoven

## Russia

- Moscow

## Turkey

- Istanbul

## United Arab Emirates

- Dubai

## China

- Beijing
- Shanghai
- Guangzhou
- Hangzhou
- Taipei City

## Japan

- Tokyo
- Osaka

## Singapore

## Australia

- Melbourne

## South Korea

- Seoul

# Who We Are

Illumina es un líder mundial en secuenciación de ADN y tecnologías basadas en matrices, que presta servicios a clientes en los mercados de investigación, clínicos y aplicados. Nuestros productos se utilizan para aplicaciones en ciencias biológicas, oncología, salud reproductiva, agricultura y otros segmentos emergentes.



**\$4.5 billion (2023)**

Beneficio anual



**~9,100**

Número de empleados



**Jacob Thaysen**

CEO y Presidente



**San Diego, CA, USA**

Headquarters



**1998**

Año de fundación

OUR MISSION

Improve human health  
by unlocking the power of  
the genome

---

illumina®



# Aplicaciones NGS para la industria alimentaria

---

# 2

# Aplicaciones de la genómica en el sector alimentario

Integrado en muchos procesos y pasos a lo largo de la cadena alimentaria



## Crianza y selección

## Producción

## Tratamiento

## Consumo

Investigación

Diagnóstico veterinario

Seguridad alimentaria

Seguimiento y vigilancia

Creación genómica

Pruebas ambientales

Autenticidad alimentaria

Familia

Trazabilidad de los alimentos

Deterioro

# Comparación de tecnologías de biología molecular



## q/RT-PCR

- +** Alta sensibilidad  
Instrumento presente en muchos laboratorios
- Menor resolución  
Detección de 1 o pocos organismos por muestra

## Sanger/CE

- +** Coste efectivo para tramos pequeños de ADN  
Técnica muy conocida
- Baja sensibilidad (<20%)  
Poco escalable  
Detección de 1 organismo por muestra

## Next-gen Sequencing

- +** Alta resolución y sensibilidad  
Capacidad de procesar varias muestras y detectar cientos de organismos por muestra
- Precio muy relacionado al número de muestras



# The NGS approach

Integrated workflows from prepared sample to answer



Flexible workflow solutions enable markets

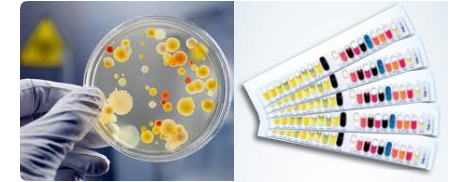
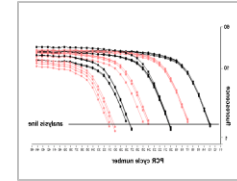
Preparación de  
biblioteca simplificada

Contenido  
personalizado

Secuenciación flexible  
y asequible

Análisis  
integrado

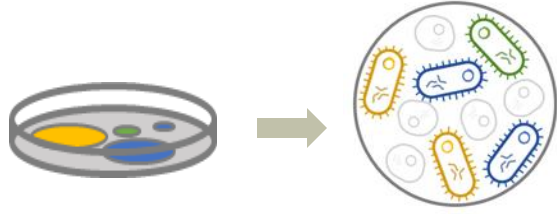
# Ventajas de la NGS de Illumina en comparación con los métodos tradicionales en las pruebas de alimentos



	NGS	PCR/qPCR	Culture or ELISA
Identificar el nivel de <b>género</b> del organismo o los organismos objetivo conocidos	✓	✓	✓
Identificar el organismo o los organismos objetivo a <b>nivel de especie</b>	✓		
Involucrar <b>muestras complejas</b> e identificar <b>simultáneamente múltiples organismos</b> objetivo a nivel de especie	✓		
Análisis de la <b>comunidad del microbioma</b> ; Identificación de <b>todas</b> las especies <b>presentes</b> , tanto conocidas como desconocidas.	✓		
<b>Identificar</b> microbios presentes en <b>niveles bajos</b> en muestras con alto nivel de fondo	✓	✓	
Volumen de muestra <b>escalable</b> y de <b>alto rendimiento</b>	✓	✓	
<b>Número de organismos</b> analizados por muestra (complejidad)	100's	1	1
<b>Tiempo</b> de obtención el <b>resultado</b> en el laboratorio	2 días	<24 hrs	<24 hrs
<b>Tiempo</b> necesario para <b>investigar</b> un resultado positivo de identificación de patógeno	No se requiere tiempo adicional (se respondió arriba)	Semanas	Semanas

# Aplicaciones con cultivo vs. Secuenciación sin cultivo

Elige la mejor estrategia para responder a tus preguntas



## Whole-Genome Sequencing (WGS)

Secuenciación de un **aislado cultivado** para taxonomía, evolución y función.

- Monitorear **brotes de patógenos**, identificar **fuentes de contaminación**
- Detectar **factores de virulencia**, genes de **resistencia a antibióticos** y otros marcadores genéticos de interés
- Mantener o mejorar la **calidad** de los alimentos (cultivos iniciadores)
- Caracterización de **levaduras** o **bacterias**.

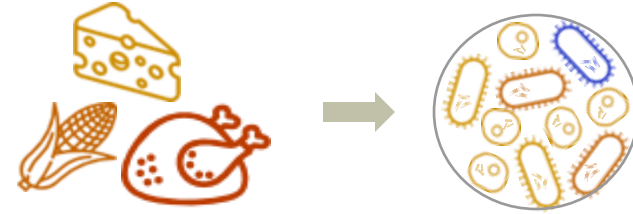


FOOD SAFETY



FOOD R&D

illumina®



## Amplicon Sequencing

Secuenciación de **genes específicos** para taxonomía y abundancia relativa.

- Perfiles comunitarios para **predecir patógenos** y **alérgenos** presentes
- Identificar el riesgo de **deterioro**
- Alimentos **auténticos** de alto valor
- Búsqueda **ingredientes correctivos** para el producto final.



FOOD AUTHENTICITY



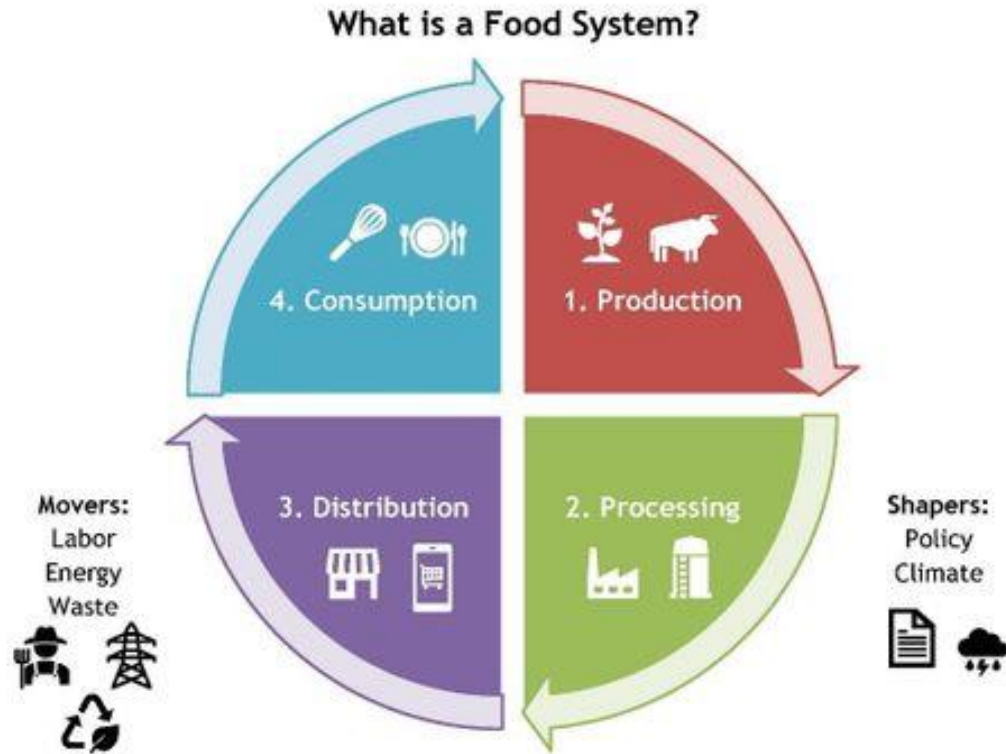
FOOD R&D

## Shotgun metagenomics

Secuenciando **“todo”** en una muestra para taxonomía, abundancia y función

# Aplicaciones genómicas en la cadena de suministro de alimentos.

La NGS pueden desempeñar un papel clave en la compleja economía alimentaria moderna



## Seguridad alimentaria

En 2022 hubo 5.763 brotes transmitidos por alimentos en la UE, un aumento del 44 % en comparación con 2021. La EFSA estima que el coste de la *campilobacteriosis* ronda los **2.400 millones de euros al año**<sup>1</sup>



## Fraude alimentario

Las estimaciones de los expertos han encontrado que el fraude alimentario afecta al **1% de la industria alimentaria** mundial a un costo de entre **10 y 15 mil millones de dólares al año**<sup>2</sup>



## I+D alimentario

En un mundo afectado por el cambio climático, las **nuevas tecnologías** desempeñarán un papel clave para mejorar la calidad, la seguridad y la sostenibilidad de nuestros alimentos y los procesos de producción.

# Las autoridades reguladoras apoyan la adopción de NGS en todo el mundo

**En 2025, la Comisión Europea implementará un reglamento sobre el monitoreo y la presentación de informes de WGS para los resultados de terminales de alimentos para laboratorios de salud pública:**

**Uso obligatorio de WGS:** los Estados miembros deben secuenciar patógenos como *Salmonella* y *E. coli* durante los brotes.

**Intercambio de datos:** los resultados del WGS deben compartirse con la EFSA y los CDC europeos en un sistema One Health.

**Transmisión frecuente:** los datos, incluidos los metadatos, deben transmitirse rápidamente para ayudar en las investigaciones de brotes.



**European Food Safety  
Authority (EFSA)**

**World Health  
Organisation (WHO)**

**Food & Drug  
Administration (FDA)**

**Todas las agencias reguladoras respaldan los datos de secuenciación del genoma completo de patógenos transmitidos por alimentos, como un recurso sólido que puede ayudar a identificar y comprender la fuente de los brotes de enfermedades transmitidas por alimentos.**



# Seguridad alimentaria

---

# 3

# Food safety applications: Using NGS to Assess Food Pathogen Outbreak

20 minutos Actualidad Nacional Internacional Deportes Cultura Opinión Más ▾ | 🔍 | 👤

## Una misma cepa de listeria procedente de la carne La Mechá ha contagiado a 144 pacientes

EFE 12.09.2019 - 15:21H

GOBIERNO DE ESPAÑA MINISTERIO DE CIENCIA E INNOVACIÓN

ISC Instituto de Salud Carlos III

f | 🐦 | ✉

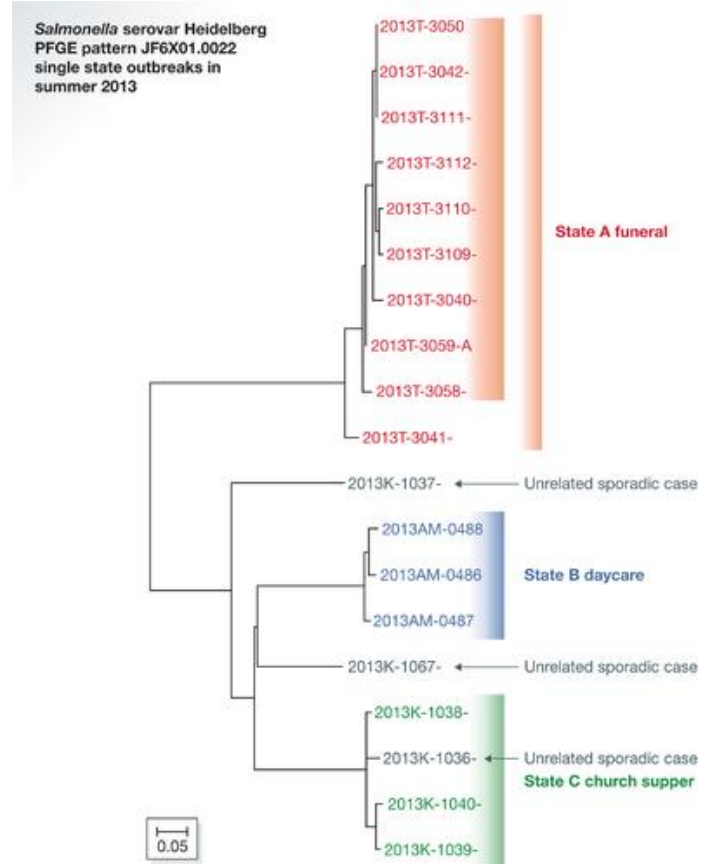


French officials confirm some E. coli cases linked to Nestlé pizza

75 pacientes, 41 con Síndrome Urémico Hemolítico. 2 niños fallecidos.  
Posible origen en harina.  
Detección foco en Marzo 2022.  
Primeros enfermos en Enero



CDC discovers Listeria outbreak linked to enoki mushrooms



# Ejemplos de la importancia de la identificación de patógenos



Un brote de *Salmonella* en varios países de la UE enfermó a más de 250 personas.

- Se identificaron como vehículo de infección los tomates cherry, cuyo origen se rastreó hasta tres mayoristas y dos productores
- Los análisis microbiológicos y de trazabilidad **confirmaron la fuente del brote.**
- En total, se han identificado 266 casos confirmados de *Salmonella* Strathcona en 17 países



Un brote de *Listeria* provocó una muerte y siete hospitalizaciones.

- Se confirmó que las tortas de pescado fueron la causa del brote
- Se **compararon los genomas bacterianos** entre los pacientes y las muestras del fabricante.
- Se retiraron los productos de las cadenas minoristas y se implementaron medidas de seguridad adicionales.
- **Impacto económico** en los resultados de 2022 del fabricante



# Sequencing is key to analyze and interpret positive samples

## WGS allowed to trace food contamination in an industrial context

International Journal of Food Microbiology 298 (2019) 39–43



### 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 3**  
SNP distance matrix between the four *S. Hadar* isolates investigated in this study.

	PIR00503 (FP)	PIR00534 (LGC)	PIR00616 (PT)	PIR00618 (Lab E)
PIR00503 (FP) <sup>a</sup>	0	11	10	6
PIR00534 (LGC) <sup>b</sup>	11	0	7	9
PIR00616 (PT) <sup>c</sup>	10	7	0	8
PIR00618 (Lab E) <sup>d</sup>	6	9	8	0

<sup>a</sup> Finished product sample (chocolate).

<sup>b</sup> Reference strain NCTC 9877 acquired from LGC bacterial reference collection.

<sup>c</sup> Proficiency test sample spiked with the reference strain NCTC 9877.

<sup>d</sup> Laboratory environmental sample (from the thermocouple in the incubator).

### PUNTOS CLAVE

- En 2013, un producto terminado de una fábrica europea dio **positivo** en la prueba de ***Salmonella Hadar***.
- Sospecha de **contaminación cruzada** de laboratorio con una muestra ambiental
- Se utilizó la **secuenciación del genoma** completo para probar esta hipótesis; el análisis mostró diferencias mínimas (<10 SNP) entre los aislamientos provenientes del laboratorio y el producto terminado.
- La secuenciación del genoma completo **confirmó la contaminación cruzada** de laboratorio y los resultados permitieron liberar los lotes de producto terminado producidos

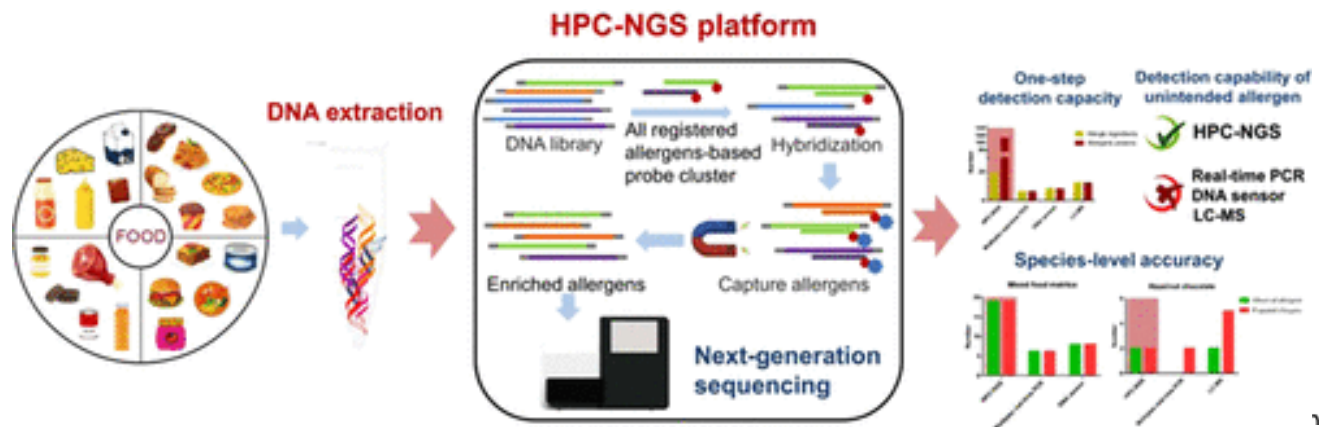
Rouzeau-Szynalski K et al. Whole genome sequencing used in an industrial context reveals a *Salmonella* laboratory cross-contamination. Int J Food Microbiol. 2019 Jun 2;298:39-43. [doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2019.03.007](https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.03.007).

# Enfoques NGS para identificar alérgenos

Un enfoque high throughput basado en captura para detectar contaminación no intencionada

## High-Throughput Identification of Allergens in a Food System via Hybridization Probe Cluster-Targeted Next-Generation Sequencing

Yanbo Wang<sup>1</sup>, Jinru Zhou<sup>1</sup>, Hai Peng<sup>2</sup>, Junjie Ma<sup>1</sup>, Huan Li<sup>1</sup>, Lun Li<sup>2</sup>, Tiantian Li<sup>2</sup>, Zhiwei Fang<sup>2</sup>, Aijin Ma<sup>3</sup>, Linglin Fu<sup>1</sup>



### PUNTOS CLAVE

- Uso de la NGS para identificar posibles alérgenos y poder localizar productos no deseados.
- Los científicos han ideado un método de detección de alto rendimiento que garantiza la **detección precisa de alérgenos** tanto en **materias primas** como en alimentos procesados.
- Integración NGS en sus procesos para garantizar la **calidad** y la **seguridad** de sus productos en el futuro.

Wang Y *et al.* High-Throughput Identification of Allergens in a Food System via Hybridization Probe Cluster-Targeted Next-Generation Sequencing. *J Agric Food Chem.* 2021 Oct 13;69(40):11992-12001. [doi: 10.1021/acs.jafc.1c03595](https://doi.org/10.1021/acs.jafc.1c03595).

# La microbiota puede influir en la calidad del queso

## Shotgun metagenomics para caracterizar una comunidad bacteriana



### Sequencing of the Cheese Microbiome and Its Relevance to Industry

Bhagya, R., Yaluri Jonnala<sup>1,2</sup>, Paul L. H. McSweeney<sup>1</sup>, Jeremiah J. Sheehan<sup>2</sup> and Paul D. Cotter<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>Food and Nutrition Department, University College Cork, Cork, Ireland, <sup>2</sup>Teagasc Food Research Centre, Fermoy, Ireland, <sup>3</sup>APC Microbiome Ireland, Cork, Ireland

The microbiota of cheese plays a key role in determining its organoleptic and other physico-chemical properties. It is essential to understand the various contributions, positive or negative, of these microbial components in order to promote the growth of desirable taxa and, thus, characteristics. The recent application of high throughput DNA sequencing (HTS) facilitates an even more accurate identification of these microbes, and their functional properties, and has the potential to reveal those microbes, and associated pathways, responsible for favorable or unfavorable characteristics. This technology also facilitates a detailed analysis of the composition and functional potential of the microbiota of milk, curd, whey, mixed starters, processing environments, and how these contribute to the final cheese microbiota, and associated characteristics. Ultimately, this information can be harnessed by producers to optimize the quality, safety, and commercial value of their products. In this review we highlight a number of key studies in which HTS was employed to study the cheese microbiota, and pay particular attention to those of greatest relevance to industry.

**Keywords:** high throughput sequencing, cheese, microbiota, sensory characteristics, metatranscriptomics, industry

#### INTRODUCTION

Cheese has a diverse microbial community, which indeed can vary within the cheese from the core to the surface that is greatly influenced by manufacturing including ripening conditions. Understanding the composition of this community (microbiota), and its impact on the quality and safety of cheese products, is of critical importance. In addition to, in the majority of cases, intentionally added starter and adjunct bacteria (which are added as a supplement), cheese contains a heterogeneous variety of other, non-starter, microorganisms. These various microorganisms can play vital roles in the development of the organoleptic properties of cheese (Fox et al., 2008), nutrient composition, shelf-life, and safety.

Historically, culture-based microbiology techniques were used to gain an understanding of the microbial component of cheese. However, it has become increasingly clear that this approach can be limited in its ability to detect “difficult-to-culture” or sub-dominant microorganisms, thereby potentially providing misleading results. As a result, culture-independent approaches have become

**Abbreviations:** HTS, High Throughput Sequencing; NGS, Next Generation Sequencing; PDO, Protected Designation of Origin; CIE, Cheesing-in-Place; NMC, Natural Milk Starter Cultures; NWC, Natural Whey Cultures; VOC, Volatile Compounds.

#### OPEN ACCESS

**Edited by:**  
Francesca Hillen,  
National University of Ireland Galway,  
Ireland

**Reviewed by:**  
Bettina Meyer,  
Consejo Superior de Investigaciones  
Científicas (CSIC), Spain  
Fernando Garcia,  
Istituto di Scienze della Produzione  
Alimentare (ISPA), Italy  
Rodrigo Dibbern,  
Alicia Foods, Denmark  
Fernando Mouton,  
GARCIA CONSULT, Argentina

#### \*Correspondence:

Paul D. Cotter  
paul.cotter@teagasc.ie

#### Specialty section:

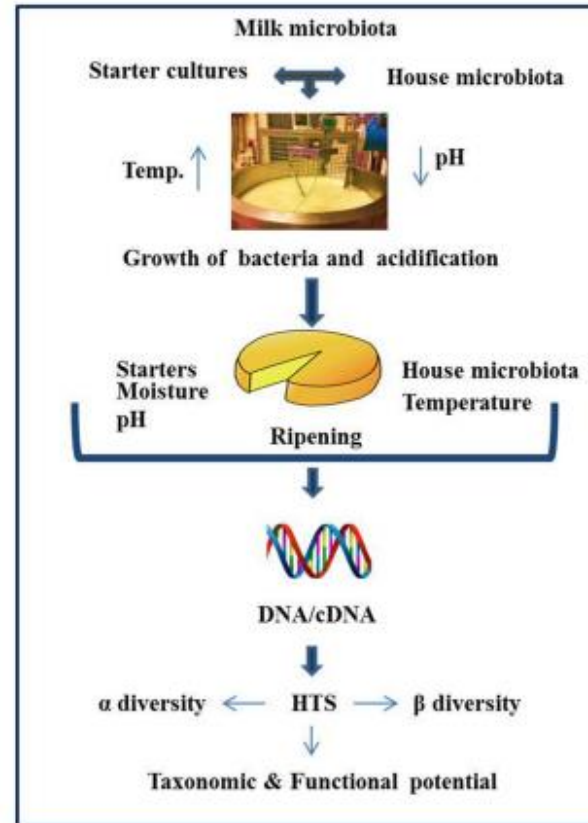
This article was submitted to  
Food Microbiology,  
a section of the journal  
Frontiers in Microbiology

Received: 20 December 2017

Accepted: 30 April 2018

Published: 23 May 2018

**Citation:**  
Yaluri Jonnala BR, McSweeney PLH,  
Sheehan JJ and Cotter PD (2018)  
Sequencing of the Cheese  
Microbiome and Its Relevance to  
Industry. *Front. Microbiol.* 9:1020.  
doi: 10.3389/fmicb.2018.01020



**FIGURE 1 |** Schematic representation of factors influencing the cheese microbiota, as revealed by HTS.

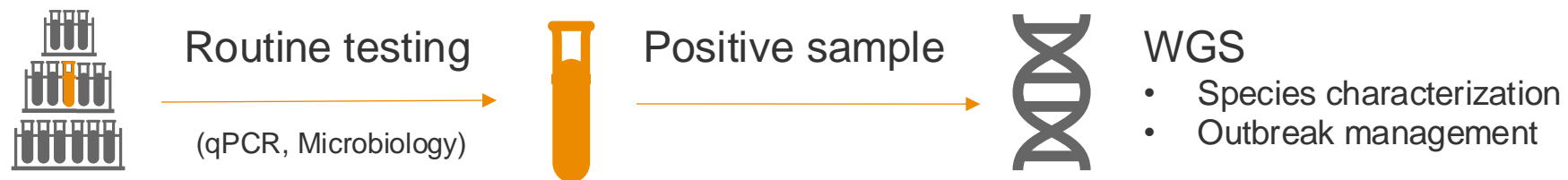
### PUNTOS CLAVE

- El queso tiene una comunidad microbiana diversa y comprender su composición y su impacto en la calidad y seguridad de los productos derivados del queso es de vital importancia.
- La **composición de la microbiota** se ve influenciada por varios factores durante la **producción del queso**.
- La microbiota desempeña un **papel vital** en el desarrollo de las **propiedades organolépticas** del queso, la composición de nutrientes, la vida útil y la seguridad.
- La **metagenómica shotgun** una técnica que se puede utilizar para proporcionar una **visión detallada** de la **Microbiología completa** de las muestras relacionadas con los productos lácteos.



## La tecnología NGS puede ser una aproximación reactiva y proactiva

- Herramienta industrial para monitorizar ingredientes
- Permite evaluar la eficiencia de prevenir y de los controles sanitarios
- Se usa para determinar la persistencia de patógenos en el ambiente
- Posible indicador de resistencias antimicrobianas









# Autenticidad y trazabilidad alimentaria

# 4

# El fraude alimentario está muy extendido

La adulteración, mezcla o etiquetado incorrecto son extremadamente comunes a nivel mundial.

## Why NGS in Food authenticity?

-  Characterization of multiple species at once
-  Untargeted detection of thousands of organisms with no requirement for previous knowledge
-  Most reliable method for species identification
-  Allows better dealing with damaged DNA

## DNA Barcoding & Metabarcoding

- Fundamentos científicos y bases de datos en crecimiento
- Puede proporcionar firmas de composición + origen.
- Cebadores adaptables a clados específicos
- Relación entre el microbioma y los alimentos



international  
BARCODE  
OF LIFE

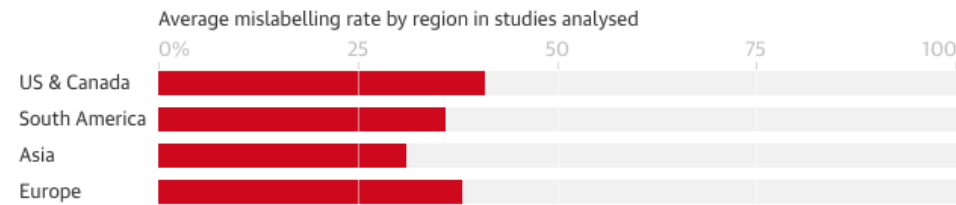
# El fraude alimentario está muy extendido

La adulteración, mezcla o etiquetado incorrecto son extremadamente comunes a nivel mundial.



## Revealed: seafood fraud happening on a vast global scale

Guardian analysis of 44 studies finds nearly 40% of 9,000 products from restaurants, markets and fishmongers were mislabelled



Guardian graphic. Source: Guardian review of 44 seafood studies published since 2018

The Guardian, March 15<sup>th</sup> 2021 | <https://www.theguardian.com/environment/2021/mar/15/revealed-seafood-happening-on-a-vast-global-scale>

Un análisis de Guardian Seascope encontró que el **36% de más de 9,000 muestras de mariscos** analizadas en **más de 30 países** estaban mal etiquetadas, lo que evidencia un **fraude global** significativo en el mercado de mariscos.

illumina®

### REVIEW ARTICLE

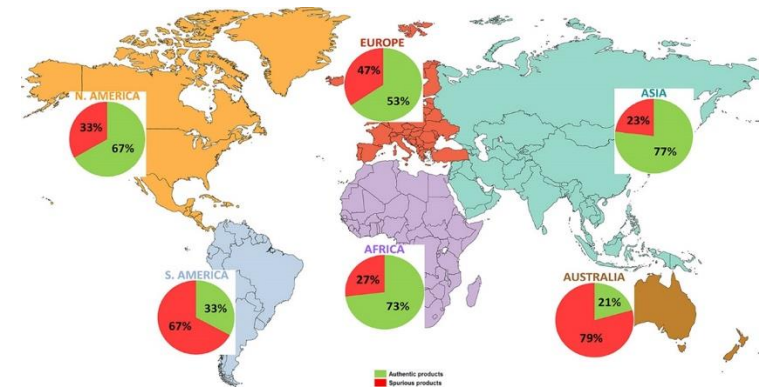
Front. Pharmacol., 24 October 2019 | <https://doi.org/10.3389/fphar.2019.01227>



## The DNA-Based Authentication of Commercial Herbal Products Reveals Their Globally Widespread Adulteration

Mihael Cristin Ichim\*

\*Stejarul" Research Centre for Biological Sciences, National Institute of Research and Development for Biological Sciences, Piatra Neamt, Romania

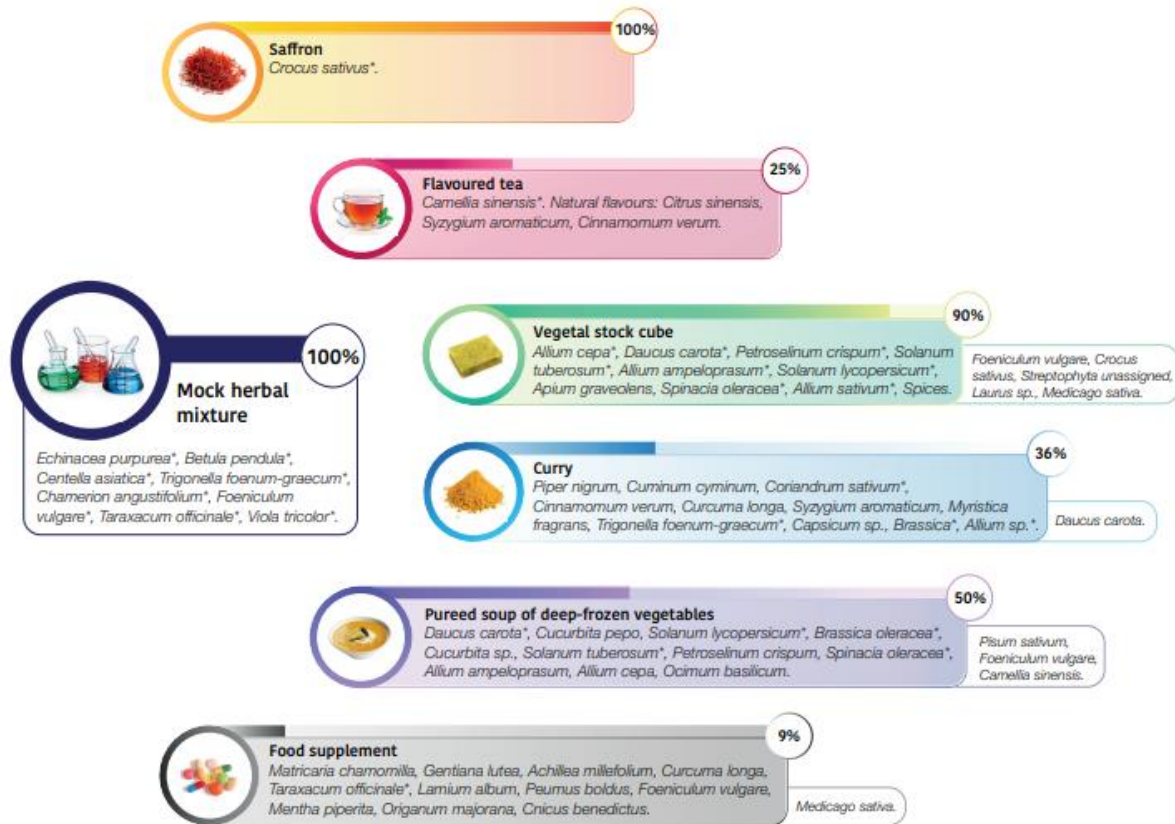


Front. Pharmacol., 24 October 2019 | <https://doi.org/10.3389/fphar.2019.01227>

El análisis de ADN permitió identificar **adulteraciones masivas en productos herbales comerciales**, evidenciando sustituciones, contaminaciones y etiquetados engañosos.

# DNA Meta-barcoding para identificar la composición del producto

## Un enfoque integral para la identificación de especies con NGS



### PUNTOS CLAVE

- Evaluación de control de calidad para identificar contaminantes en materias primas o después del procesamiento
- La codificación de barras de ADN puede ser un método eficaz para la trazabilidad de los alimentos en diferentes tipos de alimentos procesados
- La autenticación precisa es esencial para:
  - Etiquetado correcto
  - Garantía de la seguridad alimentaria
  - Protección del consumidor
  - Mantenimiento el valor económico de los alimentos de alta calidad



# Diversidad microbiana en el deterioro de los alimentos

## Metagenómica del 16S en jamón envasado

### Research Article



Received: 26 January 2016

Revised: 7 April 2016

Accepted article published: 24 May 2016

Published online in Wiley Online Library:

(wileyonlinelibrary.com) DOI 10.1002/jsfa.7785

### Characterization of specific spoilage organisms (SSOs) in vacuum-packed ham by culture-plating techniques and MiSeq next-generation sequencing technologies

Agnieszka Piotrowska-Cyplik,<sup>a</sup> Kamila Myszka,<sup>b</sup> Jakub Czarny,<sup>c</sup> Katarzyna Ratajczak,<sup>a</sup> Ryszard Kowalski,<sup>d</sup> Róża Biegańska-Marecik,<sup>a</sup> Justyna Staninska-Pięta,<sup>b</sup> Jacek Nowak<sup>a</sup> and Paweł Cyplik<sup>b\*</sup>

- Caracterizar organismos de descomposición específicos (SSO) con técnicas dependientes del cultivo y NGS con MiSeq®
- Correlación de los resultados con las **características sensoriales del producto** a lo largo del tiempo
- Los **cambios en el microbioma** provocaron **cambios en el pH** y las **cualidades organolépticas** del producto

Table 2.\*

16S metagenomic analysis of bacterial community of vacuum-packed ham during refrigerated storage: sequencing statistics and classification results

Item	Time of Storage (Days)			
	3	7	20	30
Total Reads	139,469	137,271	163,861	168,266
Reads Passing Quality Filtering	134,247	132,814	158,658	153,593
Percentage of Reads Passing Quality Filtering	96.3	96.8	96.8	96.0
Classified at Species Level (Total Reads)	48,335	62,897	47,788	49,087
Kingdom Classification Results	1	1	1	1
Phylum Classification Results	10	10	12	11
Class Classification Results	20	18	21	19
Order Classification Results	54	55	52	53
Family Classification Results	86	79	88	106
Genus Classification Results	199	153	167	157
Species Classification Results	404	351	381	290

\*Adapted from: Piotrowski-Cyplik et al. J Sci Food Agric (2016), DOI 10.1002/jsfa.7785

Los datos de NGS obtenidos con MiSeq mostraron una identificación total de organismos causantes de descomposición, incluidos aquellos: difíciles de cultivar, inactivos o latentes.

A woman wearing a white lab coat and safety glasses is crouching in a field. She is holding a small vial in her right hand. The background is a blurred field of dry grass or soil.

# Producción de alimentos

---

5

# Aplicaciones en la producción de alimentos:

## El secreto de la cerveza: la genética de las levaduras industriales

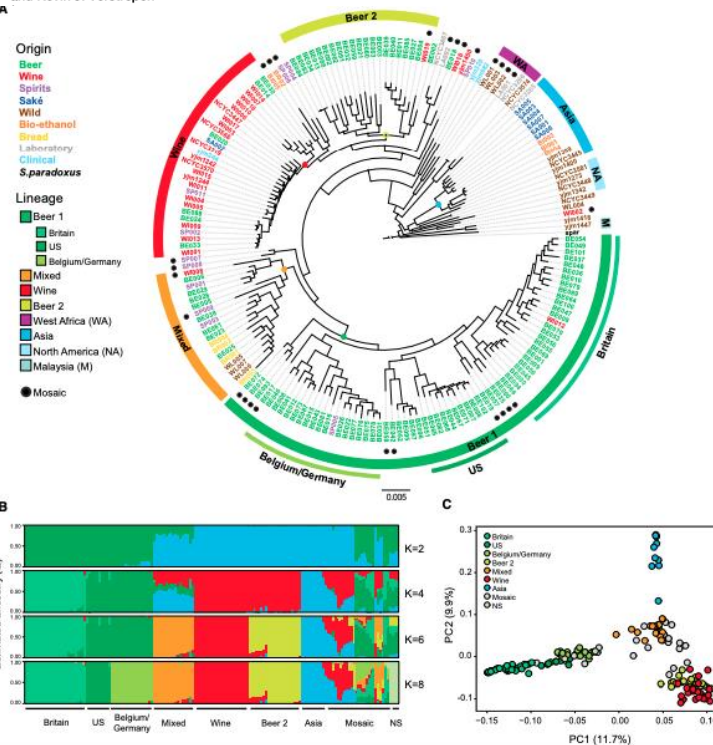


Article

Cell

### Domestication and Divergence of *Saccharomyces cerevisiae* Beer Yeasts

Brigida Gallone,<sup>1,2,3,4,11</sup> Jan Steensels,<sup>1,2,11</sup> Troels Prah,<sup>5</sup> Leah Soriaga,<sup>6</sup> Veerle Sael,<sup>1,2</sup> Beatriz Herrera-Malaver,<sup>1,2</sup> Adriaan Merlevede,<sup>1,2</sup> Miguel Roncoroni,<sup>1,2</sup> Karin Voordeckers,<sup>1,2</sup> Loren Miraglia,<sup>8</sup> Clotilde Teiling,<sup>9</sup> Brian Steffy,<sup>9</sup> Maryann Taylor,<sup>10</sup> Ariel Schwartz,<sup>6</sup> Toby Richardson,<sup>8</sup> Christopher White,<sup>9</sup> Guy Baele,<sup>7</sup> Steven Maere,<sup>3,4,\*</sup> and Kevin J. Verstrepen<sup>1,2,12,\*</sup>



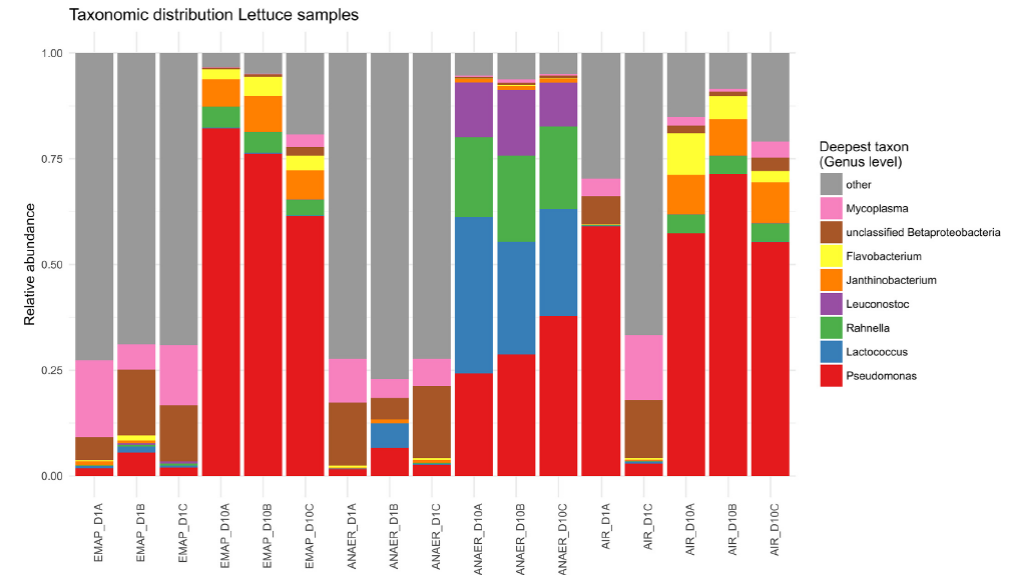
### PUNTOS CLAVE

- Se analizaron los genomas y fenomas de 157 levaduras industriales *Saccharomyces cerevisiae*.
- Las levaduras industriales actuales tienen su origen en solo unos pocos ancestros domesticados
- Las levaduras cerveceras muestran **fuertes características genéticas y fenotípicas** de domesticación
- La domesticación de las levaduras industriales es anterior al descubrimiento de los microbios
- Las secuencias genómicas, el árbol filogenético y los datos fenomales se pueden utilizar para **establecer esquemas de mejoramiento asistido por marcadores similares a los que se utilizan rutinariamente para el mejoramiento de cultivos y ganado superiores**

# Aplicaciones en la producción de alimentos: Evaluación de la diversidad microbiana en envases

## Caracterización de la microbiota de **descomposición en lechuga iceberg** envasada mediante **secuenciación de amplicones sin cultivo**

- Estudio de los factores microbianos y bioquímicos que contribuyen al deterioro de la lechuga recién cortada
- Análisis microbiano del microbioma de la lechuga en condiciones aeróbicas @ 3%O<sub>2</sub> y perforadas, y anaeróbicas.
- La secuenciación de amplicones sin cultivo reveló *que Pseudomonas spp.* era el **principal alterador aeróbico**, mientras que las bacterias productoras de ácido láctico (*Leuconostoc spp.* y **condiciones de envasado anaeróbicas** *Lactococcus spp.*) dominaban las.
- **Identificación de géneros con capacidad de deterioro** para producir olores desagradables, lo que conduce al rechazo temprano del consumidor



Angelos-Gerasimos I. et al. *Characterization of spoilage markers in modified atmosphere packaged iceberg lettuce* Intl Journal of Food Micro 279 (2018) 1–13

**La comprensión de los microbios que contribuyen al deterioro puede servir de base para futuras tecnologías de envasado y diseño para prolongar la vida útil de la lechuga.**

# Caracterización genética de las avellanas

Apoya la productividad y mejora las características del producto

the plant journal



The Plant Journal (2021) 105, 1413–1430

doi: 10.1111/tpj.15099

RESOURCE

## A chromosome-scale genome assembly of European hazel (*Corylus avellana* L.) reveals targets for crop improvement

Stuart J. Lucas<sup>1,\*</sup> , Kadriye Kahraman<sup>1,2</sup> , Bihter Avşar<sup>1,2</sup> , Richard J.A. Buggs<sup>3,4</sup> and Ipek Bilge<sup>1,2</sup> 

<sup>1</sup>Sabancı University Nanotechnology Research and Application Centre, Istanbul, Turkey,

<sup>2</sup>Faculty of Engineering and Natural Sciences, Sabancı University, Istanbul, Turkey,

<sup>3</sup>Jodrell Laboratory, Royal Botanic Gardens, Kew, London, UK, and

<sup>4</sup>School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London, UK

frontiers  
in Plant Science

ORIGINAL RESEARCH  
published: 01 July 2021  
doi: 10.3389/fpls.2021.661274

## Unraveling Genetic Diversity Amongst European Hazelnut (*Corylus avellana* L.) Varieties in Turkey

Nihal Oztolan-Erol<sup>1</sup>, Andrew J. Helmstetter<sup>2</sup>, Asuman Inan<sup>1</sup>, Richard J. A. Buggs<sup>2,3</sup> and Stuart J. Lucas<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Sabancı University Nanotechnology Research and Application Center, Istanbul, Turkey, <sup>2</sup> Jodrell Laboratory, Royal Botanic Gardens, Kew, United Kingdom, <sup>3</sup> School of Biological and Chemical Sciences, Queen Mary University of London, London, United Kingdom

## PUNTOS CLAVE

- La caracterización de los genomas de las avellanas permite **abordar** algunos de los **desafíos de esta producción**
- El ensamblaje completo permitió **identificar homólogos** que pueden ser importantes en la **enfermedad del mildiu** y la **alergia** a las avellanas
- Estos hallazgos brindan ejemplos de cómo se puede **utilizar el genoma para desarrollar estrategias efectivas para la mejora** de los cultivos en *Corylus avellana*
- La información genética se puede utilizar para **impulsar un programa de mejoramiento** para proteger y mejorar las avellanas de alta calidad

Lucas SJ *et al.* A chromosome-scale genome assembly of European hazel (*Corylus avellana* L.) reveals targets for crop improvement. Plant J. 2021 Mar;105(5):1413-1430. doi: [10.1111/tpj.15099](https://doi.org/10.1111/tpj.15099).

Oztolan-Erol N *et al.* Unraveling Genetic Diversity Amongst European Hazelnut (*Corylus avellana* L.) Varieties in Turkey. Front Plant Sci. 2021 Jul 1;12:661274. doi: [10.3389/fpls.2021.661274](https://doi.org/10.3389/fpls.2021.661274).

# Serie MiSeq i100: el secuenciador de sobremesa más sencillo y rápido



## Sorprendentemente simple

Optimize las operaciones sin descongelar reactivos, configuración de tres pasos y acceso a 18 flujos de trabajo de muestras para análisis, ahorrando tiempo y recursos.



## Velocidad impensable

Ejecute más aplicaciones y con mayor profundidad con output 4x<sup>1</sup> mayor, obtenga resultados para todas las aplicaciones en un solo día, con tiempos de ejecución de hasta 4 horas y análisis integrado de  $\leq 2$  horas<sup>2</sup>



## Resultados fiables y de alta calidad.

Basado en el rendimiento comprobado de MiSeq, el sistema de secuenciación más utilizado, con precisión estándar de la industria, respaldado por expertos globales.

<sup>1</sup> Comparado al sistema MiSeq

<sup>2</sup> Para la mayoría de las aplicaciones. El análisis comienza una vez finalizada la secuenciación.

# WGS para la identificación de patógenos

Un flujo de trabajo optimizado desde la muestra hasta los resultados en 24 horas



1. Uso de métodos de cultivo tradicionales para aislar el patógeno.

2. Extracción de ADN o directamente a partir de una colonia aislada con Illumina DNA Prep

3. Compatible con todas las plataformas Illumina

4. Reconstruir el genoma del patógeno e informar los resultados.

# Muchas gracias

---

**Rubén Melgarejo**

Territory Account Manager

[rmelgarejo@illumina.com](mailto:rmelgarejo@illumina.com)

**David Fuentes**

Inside Sales Account Manager

[dfuentes1@illumina.com](mailto:dfuentes1@illumina.com)

**Joaquín Martínez**

Field Applications Scientist

[jmherrera@illumina.com](mailto:jmherrera@illumina.com)

**illumina®**