

27 Noviembre 2025

Aplicaciones de las nuevas tecnologías de secuenciación en el sector 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?

1

illumina®

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

Who We Are

Illumina es un líder mundial en secuenciación de ADN y tecnologías basadas en arrays, que impulsan la innovación genómica sin límites 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.



\$4.3 billion (2024)

Beneficio anual



~9,000

Número de empleados



Jacob Thaysen

CEO y Presidente



San Diego, CA, USA

Headquarters



1998

Año de fundación

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

OUR MISSION

Improve human health
by unlocking the power of
the genome

illumina®



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

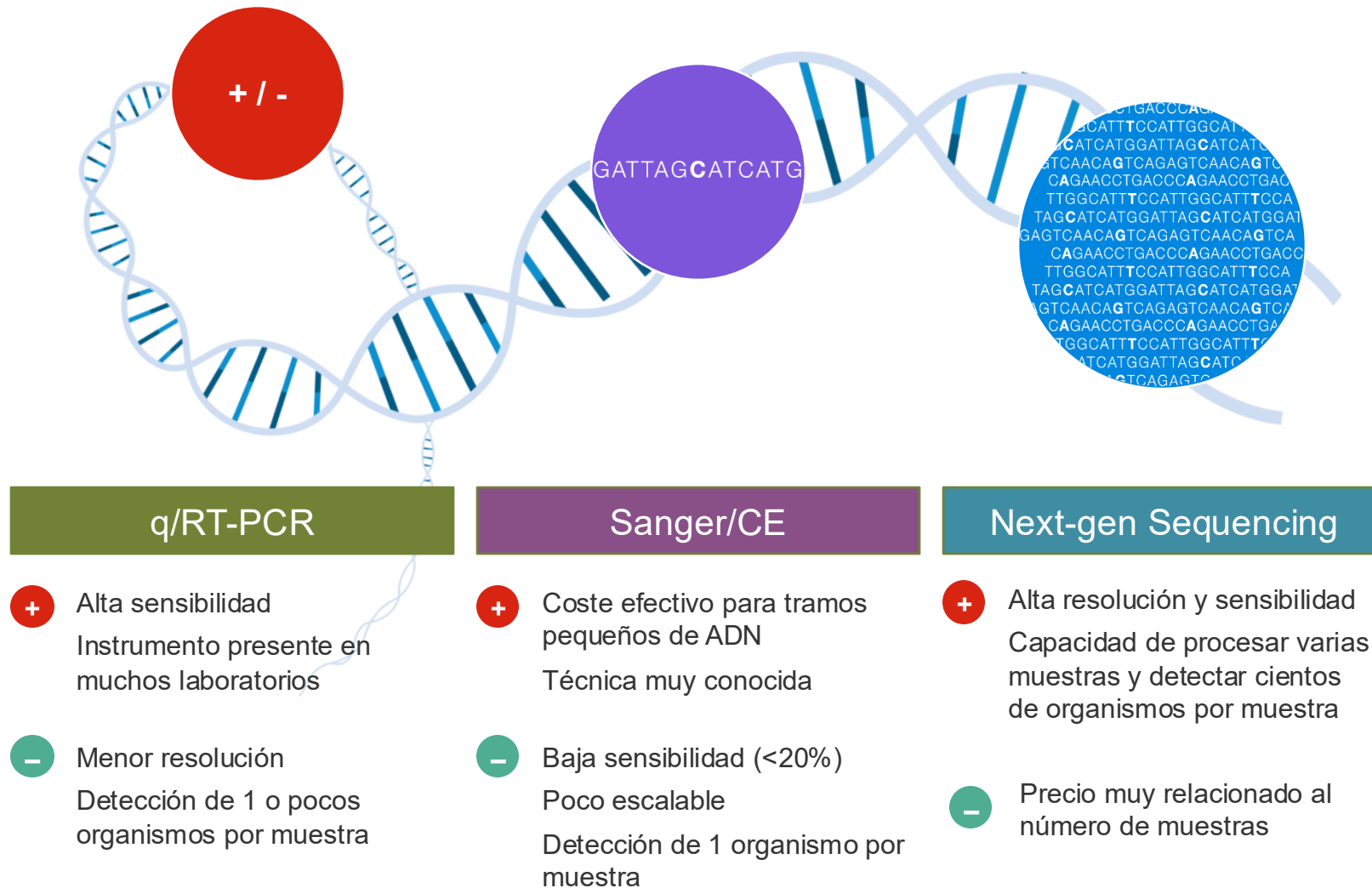
Nuestra tecnología

2

illumina®

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

Comparación de tecnologías de biología molecular



El enfoque NGS

Flujos de trabajo integrados desde la muestra hasta la respuesta



Flexible workflow solutions enable markets

Preparación de
biblioteca simplificada

Contenido
personalizado

Secuenciación flexible
y asequible

Análisis
integrado

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



Sorprendentemente simple

Optimice 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 4x¹ mayor, obtenga resultados para todas las aplicaciones en un solo día, con tiempos de ejecución de hasta 4 horas y análisis integrado de ≤ 2 horas²



Resultados fiables y de alta calidad.

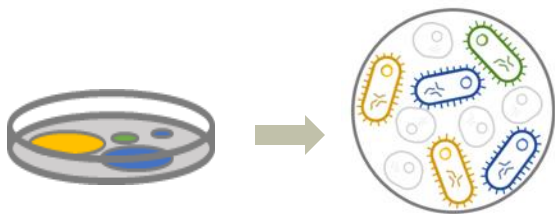
Basado en el rendimiento comprobado de MiSeq, el sistema de secuenciación más utilizado, con precisión estándar de la industria, respaldado por expertos globales.

¹ Comparado al sistema MiSeq

² Para la mayoría de las aplicaciones. El análisis comienza una vez finalizada la secuenciación.

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**.

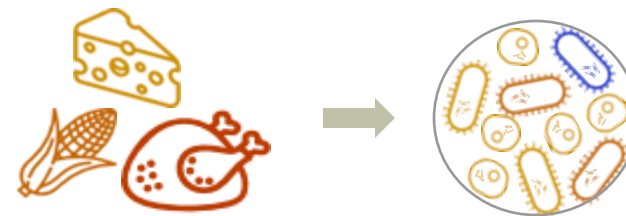


FOOD SAFETY



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



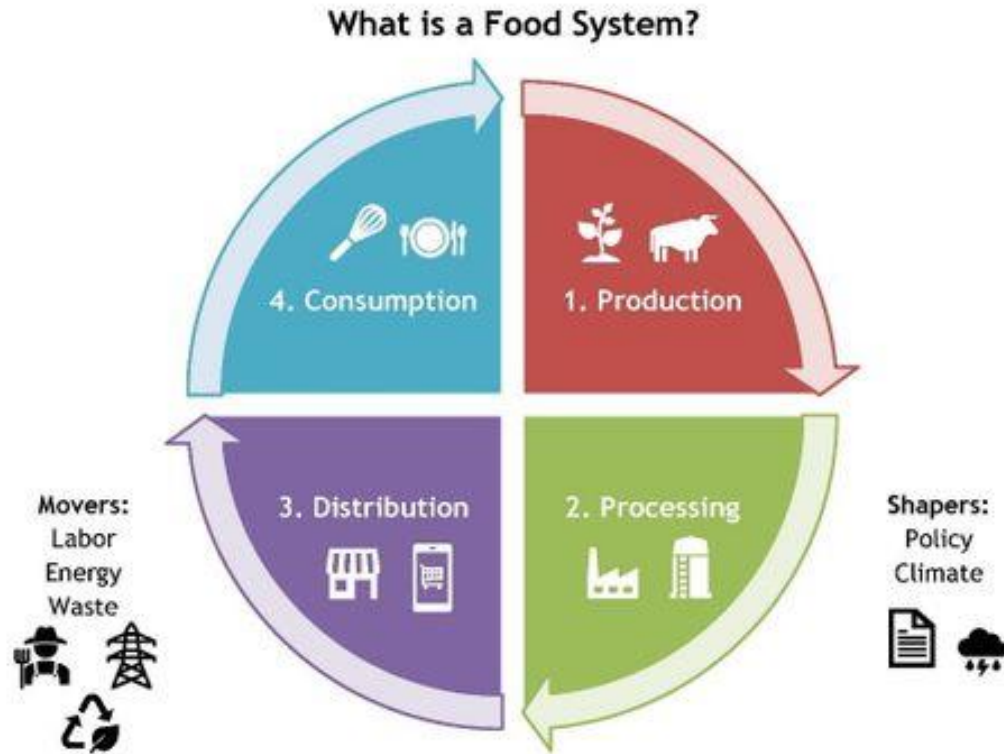
FOOD R&D

Aplicaciones NGS para la industria alimentaria

3

Aplicaciones genómicas en la cadena de suministro de alimentos.

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



Seguridad alimentaria

WGS para identificación de patógenos



Fraude alimentario

DNA Metabarcoding para identificación de especies



I+D alimentario

Variedad de tecnologías, incluyendo WGS, metagenómica shotgun, etc.



Seguridad alimentaria

4

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

En 2026, 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.

La secuenciación para analizar e interpretar muestras positivas.

WGS permite rastrear la contaminación de los alimentos en un contexto industrial.



Whole genome sequencing used in an industrial context reveals a *Salmonella* laboratory cross-contamination

Katia Rouzeau-Szynalski^{a,*}, Caroline Barretto^a, Coralie Fournier^b, Deborah Moine^b, Johan Gimonet^a, Leen Baert^a

^a Nestlé Research, Vers-chez-les-Blanc, 1000 Lausanne 26, Switzerland

^b 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) ^a	0	11	10	6
PIR00534 (LGC) ^b	11	0	7	9
PIR00616 (PT) ^c	10	7	0	8
PIR00618 (Lab E) ^d	6	9	8	0

^a Finished product sample (chocolate).

^b Reference strain NCTC 9877 acquired from LGC bacterial reference collection.

^c Proficiency test sample spiked with the reference strain NCTC 9877.

^d 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).

NovaSeq para identificar focos de contaminación en industria cárnica

Microbiomas industriales como herramienta para optimizar higiene y seguridad

RESEARCH

Open Access

In-depth characterization of food and environmental microbiomes across different meat processing plants



Coral Barcenilla^{1†}, José F. Cobo-Díaz^{1†}, Alba Puente¹, Vincenzo Valentino², Francesca De Filippis^{2,3}, Danilo Ercolini^{2,3}, Niccolò Carlino⁴, Federica Pinto⁴, Nicola Segata⁴, Miguel Prieto¹, Mercedes López¹ and Avelino Alvarez-Ordóñez¹

Abstract

Background Processing environments can be an important source of pathogenic and spoilage microorganisms that cross contaminate meat and meat products. The aim of this study was to characterize the microbiome of raw materials, processing environments and end products from 19 facilities producing different meat products.

Results The taxonomic profiles of the microbial communities evolved along processing, from raw materials to end products, suggesting that food contact (FC) surfaces play an important role in modulating the microbiome of final products. Some species persisted with the highest relative abundance in raw materials, food processing environments and/or in the final product, including species from the genera *Pseudomonas*, *Staphylococcus*, *Brochothrix*, *Acinetobacter* and *Psychrobacter*. Processing environments showed a very diverse core microbiota, partially shared with the products. *Pseudomonas fragi* and *Pseudomonas* sp. Lz4W (in all sample and facility types) and *Brochothrix thermosphacta*, *Psychrobacter* sp. and *Psychrobacter* sp. P11F6 (in raw materials, FC surfaces and end products) were prominent members of the core microbiota for all facilities, while *Lactobacillus sakei* was found as a dominant species exclusively in end products from the facilities producing fermented sausages. Processing environments showed a higher amount of antimicrobial resistance genes and virulence factors than raw materials and end products. One thousand four hundred twenty-one medium/high-quality metagenome-assembled genomes (MAGs) were reconstructed. Of these, 274 high-quality MAGs (completeness > 90%) corresponded to 210 putative new species, mostly found in processing environments. For two relevant taxa in meat curing and fermentation processes (*S. equorum* and *L. sakei*, respectively), phylogenetic variation was observed associated with the specific processing facility under study, which suggests that specific strains of these taxa may be selected in different meat processing plants, likely contributing to the peculiar sensorial traits of the end products produced in them.

Conclusions Overall, our findings provide the most detailed metagenomics-based perspective up to now of the microbes that thrive in meat, meat products and associated environments and open avenues for future research activities to better understand the microbiome functionality and potential contribution to meat quality and safety.

PUNTOS CLAVE

Objetivo: Mapear microbiomas y riesgos en superficies y productos.

Método: Shotgun NovaSeq + Nextera Flex.

Hallazgos: Superficies = mayor carga de AMR y microbios alterantes.

Resultado: Optimización de limpieza y control basada en NGS.

<https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-024-01856-3>

NGS Illumina para mapear riesgos en matadero porcino

Seguimiento continuo de AMR y virulencia a lo largo de la cadena de procesado

RESEARCH

Open Access

In-depth characterization of food and environmental microbiomes across different meat processing plants

Coral Barcenilla^{1†}, José F. Cobo-Díaz^{1†}, Alba Puente¹, Vincenzo Valentino², Francesca De Filippis^{2,3}, Danilo Ercolini^{2,3}, Niccolò Carlino⁴, Federica Pinto⁴, Nicola Segata⁴, Miguel Prieto¹, Mercedes López¹ and Avelino Álvarez-Ordóñez¹

Abstract

Background Processing environments can be an important source of pathogenic and spoilage microorganisms that cross contaminate meat and meat products. The aim of this study was to characterize the microbiome of raw materials, processing environments and end products from 19 facilities producing different meat products.

Results The taxonomic profiles of the microbial communities evolved along processing, from raw materials to end products, suggesting that food contact (FC) surfaces play an important role in modulating the microbiome of final products. Some species persisted with the highest relative abundance in raw materials, food processing environments and/or in the final product, including species from the genera *Pseudomonas*, *Staphylococcus*, *Brochothrix*, *Acinetobacter* and *Psychrobacter*. Processing environments showed a very diverse core microbiota, partially shared with the products. *Pseudomonas fragi* and *Pseudomonas* sp. Lz4W (in all sample and facility types) and *Brochothrix thermosphacta*, *Psychrobacter* sp. and *Psychrobacter* sp. P11F6 (in raw materials, FC surfaces and end products) were prominent members of the core microbiota for all facilities, while *Lactobacillus sakei* was found as a dominant species exclusively in end products from the facilities producing fermented sausages. Processing environments showed a higher amount of antimicrobial resistance genes and virulence factors than raw materials and end products. One thousand four hundred twenty-one medium/high-quality metagenome-assembled genomes (MAGs) were reconstructed. Of these, 274 high-quality MAGs (completeness > 90%) corresponded to 210 putative new species, mostly found in processing environments. For two relevant taxa in meat curing and fermentation processes (*S. equorum* and *L. sakei*, respectively), phylogenetic variation was observed associated with the specific processing facility under study, which suggests that specific strains of these taxa may be selected in different meat processing plants, likely contributing to the peculiar sensorial traits of the end products produced in them.

Conclusions Overall, our findings provide the most detailed metagenomics-based perspective up to now of the microbes that thrive in meat, meat products and associated environments and open avenues for future research activities to better understand the microbiome functionality and potential contribution to meat quality and safety.

PUNTOS CLAVE

- **Objetivo:** Detectar resistencia y virulencia a lo largo de la cadena.
- **Método:** Shotgun metagenomics (Illumina NextSeq).
- **Hallazgos:** AMR y virulencia persistentes desde animal → producto.
- **Resultado:** Identificación de puntos críticos reales de higiene.

<https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-024-01856-3>

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.



Autenticidad y trazabilidad alimentaria

illumina®

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

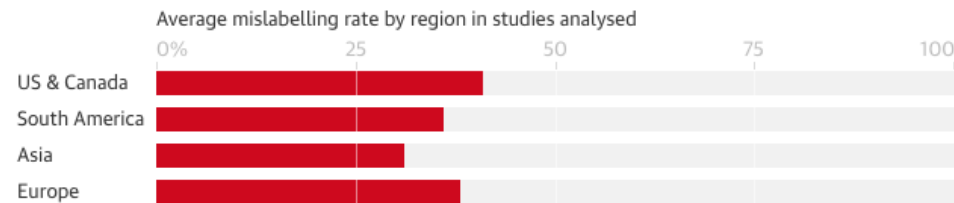
El fraude alimentario está muy extendido

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 15th 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

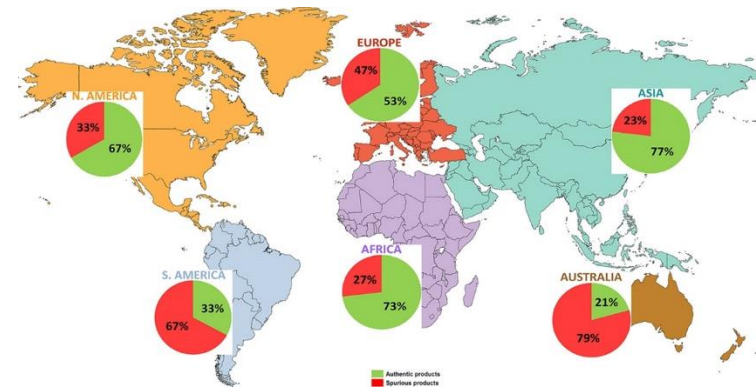
Front. Pharmacol., 24 October 2019 | <https://doi.org/10.3389/fphar.2019.01227>



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

✉ Mihael Cristin Ichim*

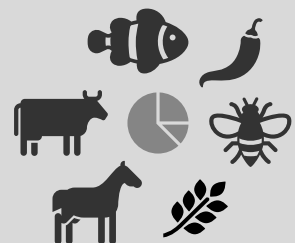
*"Stejarul" Research Centre for Biological Sciences, National Institute of Research and Development for Biological Sciences, Piatra Neamt, Romania



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.

La secuenciación de nueva generación (NGS) permite la identificación imparcial de especies.



Materias primas
y alimentos
procesados



NGS
metabarcoding

¿Por qué utilizar NGS?



Precisión inigualable: La NGS garantiza una precisión inigualable en la identificación de las especies presentes en los productos alimenticios, lo que permite una autenticación precisa y fiable.



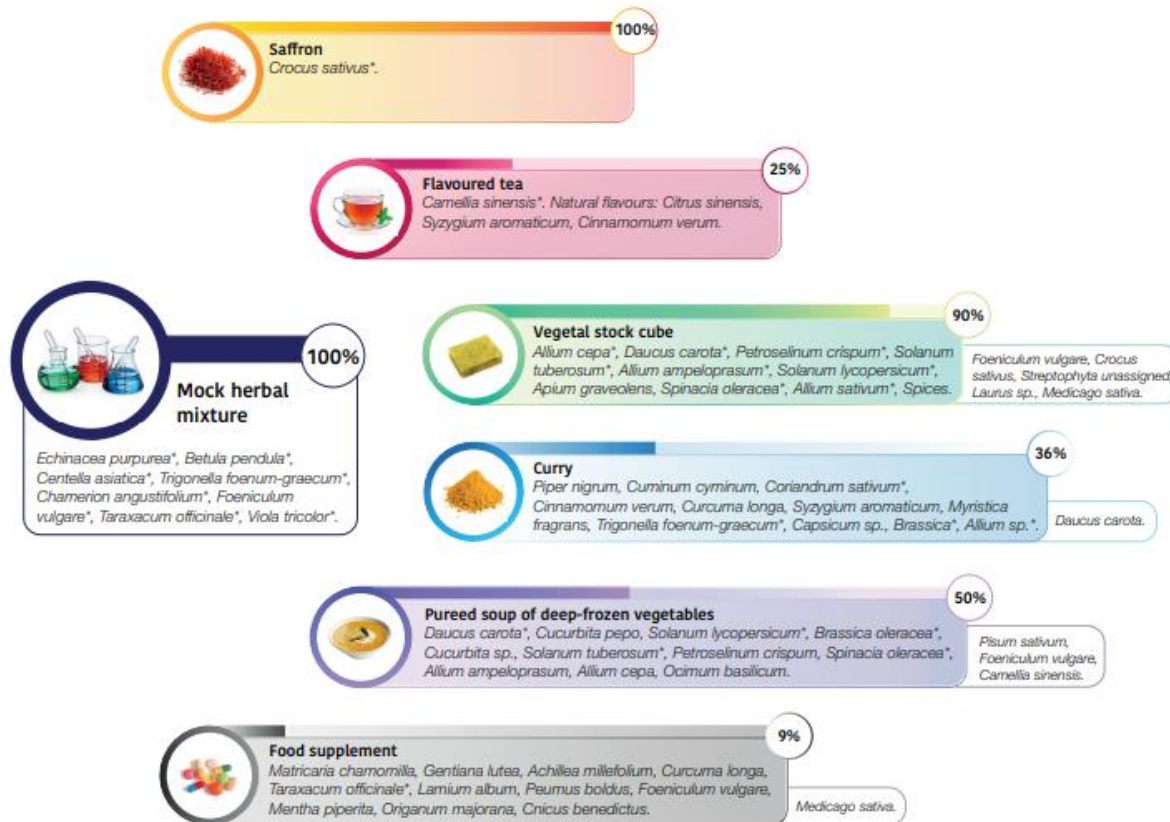
Detección en muestras complejas: La NGS permite identificar especies presentes en mezclas complejas, lo que supone una ventaja a la hora de autenticar materias primas o productos altamente procesados.



Identificación imparcial de especies: NGS optimiza las pruebas con una amplia cobertura, permitiendo una identificación completa sin conocimientos previos y posibilitando aplicaciones versátiles en una sola prueba unificada.

DNA Meta-barcoding para identificar la composición del producto

Un enfoque integral para la identificación de especies con NGS



PUNTOS CLAVE

- Objetivo: Explorar el metabarcoding de ADN para identificar la composición vegetal en alimentos procesados.
- Métodos: Se utilizó el marcador trn L y secuenciación de alto rendimiento en diversos productos vegetales comerciales.
- Resultados: Eficaz para el rastreo de componentes alimentarios.
- Se verificó la precisión del etiquetado a pesar de la degradación del ADN en los alimentos procesados.
- Implicaciones: Potencial para mejorar la trazabilidad y el control de calidad de los alimentos.

Metagenómica Illumina para autenticar mieles españolas

Identificación precisa del origen y detección de fraude mediante firmas microbianas

International Journal of Food Microbiology 421 (2024) 110789



PUNTOS CLAVE

Tracing the origin and authenticity of Spanish PDO honey using metagenomics and machine learning

Carlos Sabater ^{*,1}, Inés Calvete ¹, Xenia Vázquez, Lorena Ruiz, Abelardo Margolles

Group of Functionality and Ecology of Beneficial Microorganisms (MicroHealth), Dairy Research Institute of Asturias (IPLA-CSIC), Paseo Río Linares s/n, 33300 Villaviciosa, Asturias, Spain
Health Research Institute of Asturias (ISPA), Avenida Hospital Universitario s/n, 33011 Oviedo, Asturias, Spain

ARTICLE INFO

Keywords:
Honey
Food metagenome
Traceability
Protected designation of origin
Machine learning

ABSTRACT

The Protected Designation of Origin (PDO) indication for foods intends to guarantee the geographical origin of regional products within the European Union. consumed due to their health-promoting properties and there is a general interest in this regard, metagenomics sequencing and machine learning (ML) have been technologies to improve the traceability methods of foods. Therefore, the aim of metagenomic profiles of Spanish honeys from three different PDOs (Granada, Te and compare them with non-PDO honeys using ML models (PLS, RF, LOGITBOO the results obtained, non-PDO honeys and Granada PDO showed higher beta diversity. Villuercas-Ibores PDOs. ML classification of honey products allowed the identification of biomarkers of the geographical origin of honeys: *Lactobacillus kunzei*, *Parasaccharomyces hansenii* for PDO honeys and *Paenibacillus larvae*, *Lactobacillus apinorum* and PDO honeys. In addition, potential microbial biomarkers of some honey varieties in Retama del Teide varieties, and *P. apium* for Tajinaste variety, were identified. an independent set of samples leading to high accuracy rates (above 90 %). This work of ML to differentiate different types of honey using metagenome-based methods,

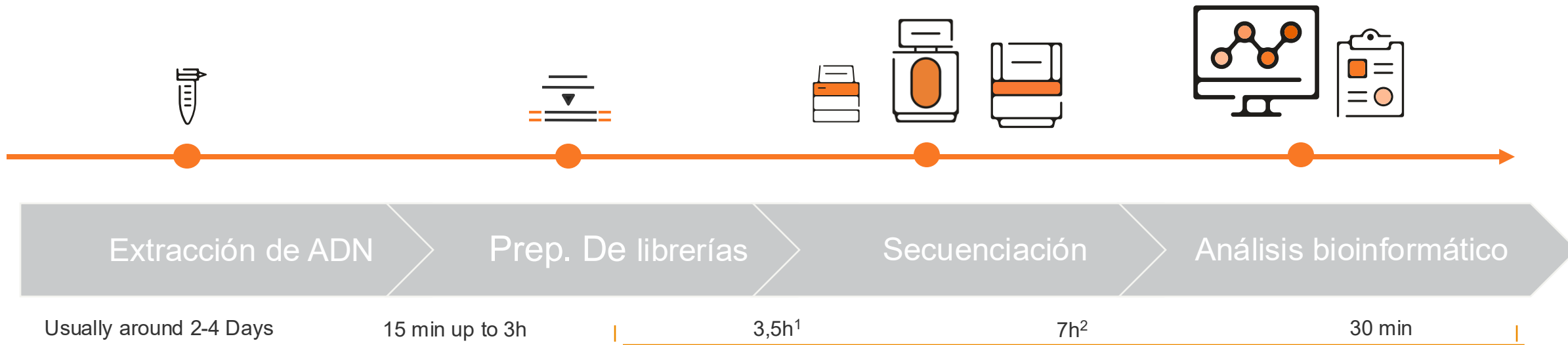


- **Objetivo:** Distinguir mieles PDO vs no-PDO y verificar su origen.
- **Método:** Shotgun metagenómica + ML (Illumina).
- **Hallazgos:** Firmas microbianas propias de cada PDO.
- **Resultado:** >90% precisión en autenticidad y detección de fraude.

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38879955/>

Flujo de trabajo de autenticidad de alimentos de Illumina:

Un flujo de trabajo optimizado desde la muestra hasta los resultados.



<12h Turnaround Time

Extracción de ADN a partir de materia prima o productos alimenticios procesados y preparación de la biblioteca

- Amplicons dirigidos (PCR en dos pasos)
- Shotgun

- Compatible con todas las plataformas Illumina

- Flexibilidad para utilizar sus propios pipelines, soluciones de Illumina o cualquier software de terceros.

1 - <https://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits/nextera-dna-flex.htm>

2 - <https://www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/iseq/specifications.html>

A woman with dark hair, wearing a white lab coat and safety glasses, is crouching in a field. She is holding a small test tube in her right hand. The background is a blurred field with some green plants and a grey sky. A large white number '5' is overlaid on the right side of the image.

Producción de alimentos

illumina®

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

Aplicaciones en la producción de alimentos:

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

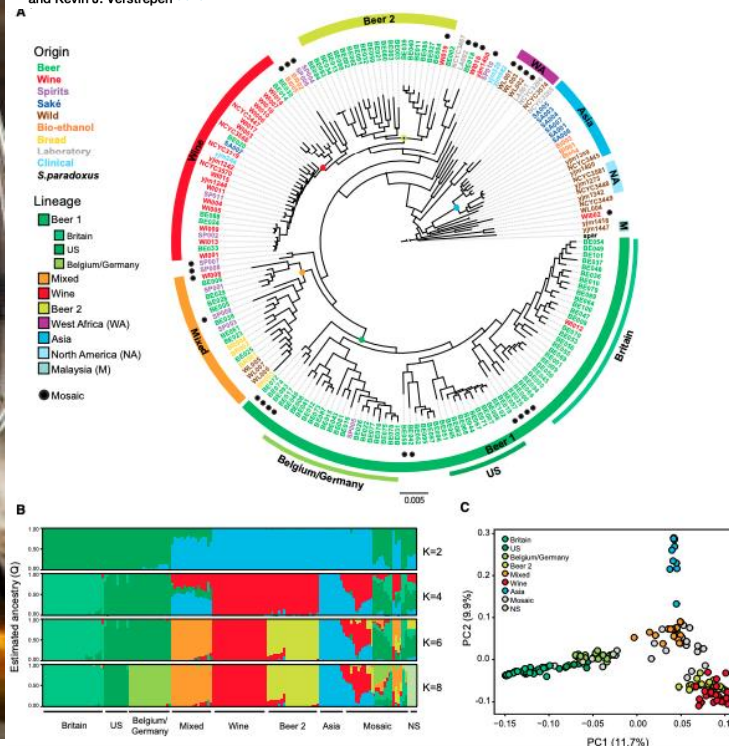


Article

Cell

Domestication and Divergence of *Saccharomyces cerevisiae* Beer Yeasts

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

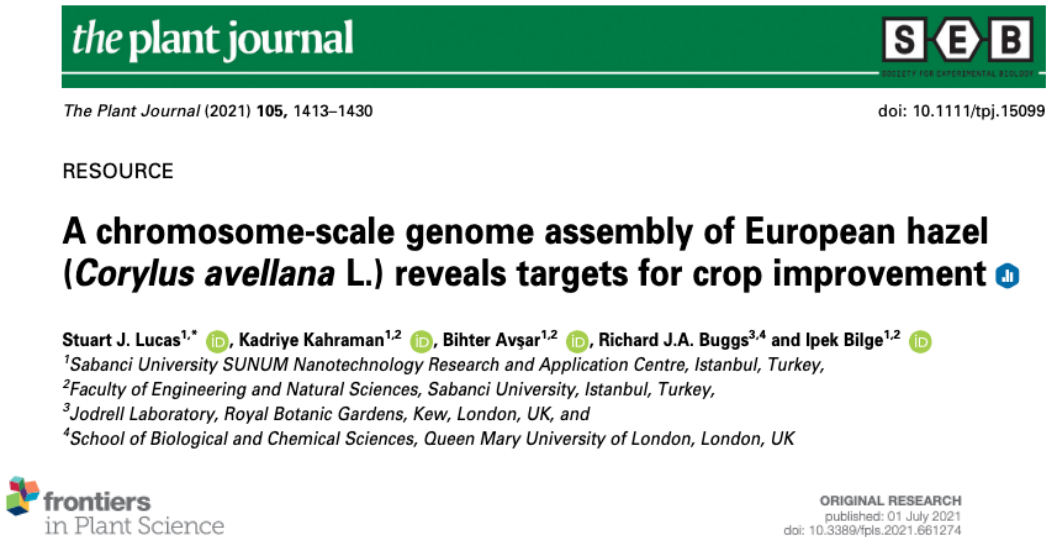


PUNTOS CLAVE

- 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**

Caracterización genética de las avellanas

Apoya la productividad y mejora las características del producto



PUNTOS CLAVE

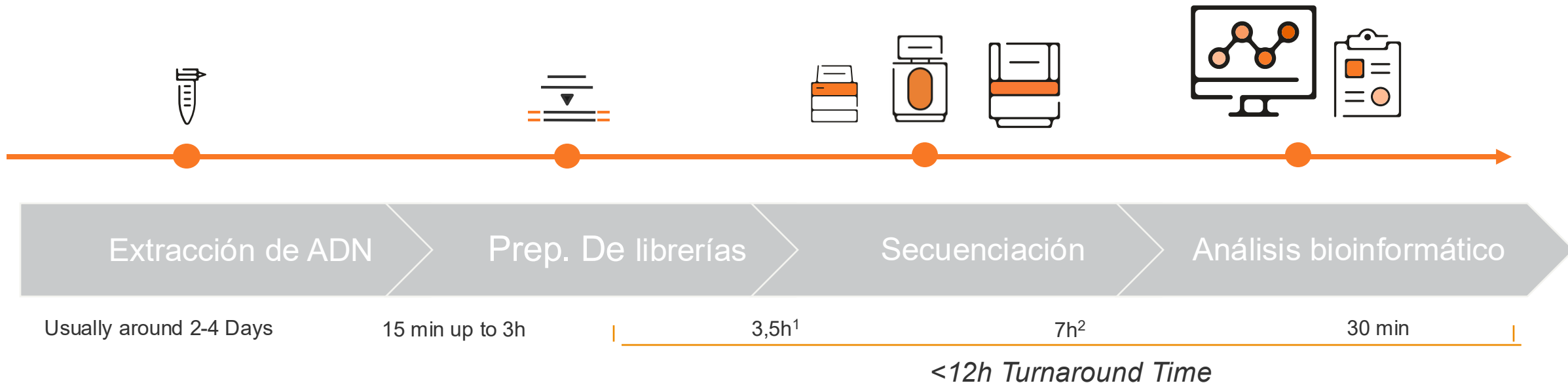
- La caracterización de los genomas de las avellanas permite **abordar** algunos de los **desafíos de esta producción**
- El ensamblaje completo permitió **identificar homólogos** que pueden ser importantes en la **enfermedad del mildiu** y la **alergia** a las avellanas
- Estos hallazgos brindan ejemplos 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).

Flujo de trabajo para I+D de Illumina:

Un flujo de trabajo optimizado desde la muestra hasta los resultados.



- Extraer ADN de materia prima o productos alimenticios procesados y preparar bibliotecas
- Compatible with all Illumina platforms
- Flexibilidad para utilizar sus propios pipelines, soluciones de Illumina o cualquier software de terceros.

1 - <https://www.illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits/nextera-dna-flex.htm>

2 - <https://www.illumina.com/systems/sequencing-platforms/seq/specifications.html>

Muchas gracias

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

illumina®