

Caracterización de *Staphylococcus aureus* aislado de productos lácteos por MALDI-TOF MS

Karola Böhme¹, Stefano Morandi², Paola Cremonesi³, Inmaculada C. Fernández-No¹, Jorge Barros-Velázquez¹, Bianca Castiglioni³, Milena Brasca², Benito Cañas⁴, Pilar Calo-Mata¹

¹Departamento de Química Analítica, Nutrición y Bromatología, Facultad de Veterinaria, Universidad de Santiago de Compostela, 27002 Lugo, España; ²Instituto de la Ciencia de la Producción Alimentaria (ISPA – CNR), 20133 Milan, Italia; ³Instituto de Biología y Biotecnología Agraria (IBBA – CNR), 20133 Milan, Italia; ⁴Departamento de Química Analítica, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid, España

karolaboehme@gmx.de

Staphylococcus aureus es un patógeno humano que puede causar intoxicaciones serias por la ingestión de alimentos contaminados con sus enterotoxinas. Además, *S. aureus* es uno de las mayores causantes de mastitis en animales productores de leche, representando un problema global. En este sentido, la detección e identificación de *S. aureus* y sus toxinas es un objetivo importante en la industria alimentaria para determinar el riesgo microbiológico y evitar intoxicaciones alimentarias y pérdidas económicas. La caracterización de cepas de *S. aureus* en correlación con su origen y producción de toxinas ayudará a comprender la epidemiología y población de *S. aureus* en productos lácteos.

En trabajos anteriores, 36 cepas de *S. aureus* aisladas de productos lácteos procedentes de Italia, fueron caracterizadas por métodos fenotípicos, genotípicos y su producción de toxinas. El presente trabajo se basó en la aplicación de MALDI-TOF MS para obtener una clasificación proteómica de las cepas estudiadas. Se obtuvieron espectros específicos que permitieron la identificación de las cepas como *S. aureus*. Los picos con las masas m/z 3444, 5031 y 6887 fueron determinados como biomarcadores específicos y pueden servir para una identificación rápida de cepas de *S. aureus* en productos alimentarios. Por otra parte, el análisis cluster fue aplicado como método de clasificación y se obtuvieron 8 grupos espectrales. Un grupo mostró un pico con la masa de m/z 6917 en vez de m/z 6887, que fue relacionado a un polimorfismo en la secuencia del gen 16S rRNA. Sin embargo, el agrupamiento no se pudo correlacionar con la producción de toxinas o el origen de las cepas.

En conclusión, MALDI-TOF MS resultó ser una técnica rápida y económica para la identificación y caracterización de *S. aureus* que puede complementar los métodos basados en el análisis fenotípico y genotípico, permitiendo una clasificación más amplia de cepas de *S. aureus*.