

Artículo original / Original article

Identificación genómica de bacterias ácido lácticas aisladas de las heces del sajino (*Pecari tajacu*)

Genomic identification of lactic acid bacteria isolated from the faeces of the sajino (*Pecari tajacu*)

Vásquez-Rojas, Lourdes [ID 0000-0002-0202-9451]^{1,2}; Fabian-Dominguez, Fredy [ID 0000-0003-3577-5896]^{1,2,3}; Baylon-Cuba, Miluska [ID 0000-0003-1103-345X]^{1,2}; Sanchez-Cardenas, Hugo [ID 0000-0003-1560-2402]³; Mialhe, Eric [ID 0000-0002-5498-4362]²

¹Universidad Nacional de Tumbes, Tumbes, Perú

²INCABIOTEC, Tumbes, Perú

³Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto, Perú

✉ fredyfabian@gmail.com

Recibido: 20/11/2021;

Aceptado: 22/12/2021;

Publicado: 20/01/2022

Resumen: El sajino (*Pecari tajacu*) es una especie de alto valor comercial en el mercado internacional por su carne y cuero. Los animales criados en cautividad se caracterizan por su rusticidad probablemente debido a su microbiota nativa que resulta de gran interés como fuente de probióticos para su manejo en zocriadero. El objetivo fue identificar molecularmente, la microbiota de las heces del sajino. Siendo la metodología, aislamiento y purificación bacteriana en medio de cultivo selectivo MRS, seguidamente la extracción de ADN dirigida al gen 16S ADN_r, PCR, electroforesis, secuenciación y finalmente el análisis bioinformático. Resultando, cepas bacterianas ácido lácticas, *Weissella confusa*, *Weissella cibaria*, *Pediococcus pentosaceus* y *Lactobacillus plantarum*. Este estudio abre la vía a la “domesticación” de probióticos de especies animales silvestres candidatas para el desarrollo de nuevas actividades pecuarias, en particular en zonas de amortiguamiento de reservas de biosfera.

Palabras clave: bioinformática; microbiota; *Pecari tajacu*; probióticos

Abstract: The sajino (*Pecari tajacu*) is a species of high commercial value in the international market for its meat and leather. Animals raised in captivity are characterized by their rusticity, probably due to their native microbiota, which is of great interest as a source of probiotics for their management in a farm. The objective was to molecularly identify the microbiota of the sajino feces. Being the methodology, isolation and bacterial purification in selective culture medium MRS, followed by the extraction of DNA directed to the 16S rDNA gene, PCR, electrophoresis, sequencing and finally the bioinformatic analysis. Resulting, lactic acid bacterial strains, *Weissella confusa*, *Weissella cibaria*, *Pediococcus pentosaceus* and *Lactobacillus plantarum*. This study opens the way to the “domestication” of probiotics of candidate wild animal species for the development of new livestock activities, particularly in buffer zones of biosphere reserves.

Keywords: bioinformatics; microbiota; *Pecari tajacu*; probiotics

Cómo citar / Citation: Vásquez-Rojas, L., Fabian-Dominguez, F., Baylon-Cuba, M., Sanchez-Cardenas, H & Mialhe, E. (2022). Identificación genómica de bacterias ácido lácticas aisladas de las heces del sajino (*Pecari tajacu*). *Revista de Veterinaria y Zootecnia Amazónica*, 2(1), e297. <https://doi.org/10.51252/revza.v2i1.297>

I. Introducción

Pecari tajacu, comúnmente conocido como sajino y distribuido en América del sur, América central y América del norte, es considerado por la IUCN (Unión Internacional para la conservación) como una especie de menor preocupación en términos de conservación. Sin embargo, la caza continua para su carne y su piel, así como la destrucción de su hábitat podrían conducir a riesgos localizados de extinción (1).

La crianza del sajino es practicada empíricamente en varios países (2). El interés por desarrollar y optimizar su crianza está creciendo, en particular en las zonas de amortiguamiento de reservas de biosfera, esto con fin de reducir la caza dentro de las zonas núcleos y poder garantizar la conservación de esta especie de extrema importancia ecológica, sin embargo en el Perú específicamente en la costa norte se ha reportado la desaparición en grandes áreas naturales a consecuencia de la tala de los bosques, la presión de caza y las actividades agropecuarias según el Primer informe nacional sobre la situación de los recursos zoogenéticos realizado en el 2004, esto conduce al involucramiento de profesionales zootecnistas y veterinarios poniendo como prioridad de investigación ésta especie y la caracterización de su microbiota debido a su rol en la fisiología y salud animal (3)(4)(5).

Una multitud de publicaciones son relacionadas a la microbiota, en particular del tracto digestivo, millares para el humano y cientos para el cerdo, estos estudios muestran su importancia en el desarrollo inmunológico, el metabolismo (6), el rol como barrera intestinal (7) (8), síntesis de vitaminas (9)(10), biosíntesis moleculares y actividades biológicas que el hospedador carece (11).

El microbiota del tracto digestivo está constituido por microorganismos patógenos y benéficos, siendo los primeros responsables de enfermedades, afectando el estado metabólico y la respuesta inmune del hospedero (12)(13)(14). Mientras que algunos microorganismos benéficos, conocidos como probióticos son antagonistas de los patógenos y permiten mantener el equilibrio bacteriano mediante la producción de múltiples moléculas peptídicas y metabolitos (15).

Numerosas publicaciones están relacionadas al impacto sobre la microbiota de los antibióticos utilizados masivamente en los sectores pecuarios, ya sea para el tratamiento de infecciones o como promotores de crecimiento incorporados en la dieta (16)(17)(18)(19)(20)(21).

Se debe mencionar que últimas metodologías de caracterización de microbiota incluyen la metaproteómica basada en la identificación de mezcla de microorganismos en base a sus péptidos (22), y la culturómica asociando varias tecnologías ómicas con innovaciones tecnológicas de cultivo *in vitro* (23).

El presente trabajo de investigación, relacionado a la microbiota del sajino, tiene un componente enfocado en la caracterización de la composición bacteriana de las heces, siendo está considerada, particularmente, como fuente de microorganismos patógenos o benéficos.

2. Materiales y métodos

2.1. Material biológico

Para la toma de muestra se realizó una selección al azar de un sajino de 5 meses de edad criado en cautiverio en el centro poblado Rica Playa, Tumbes- Perú.

2.2. Aislamiento e identificación de bacterias ácido lácticas.

Toma de muestra

La muestra se obtuvo de la mucosa rectal realizando un raspado con hisopo posteriormente resuspendidos en medio de cultivo líquido MRS (Man, Rogosa y Sharpe) e incubados a 37 °C por 24 horas.

Purificación bacteriana

Después de las 24 horas de incubación, el cultivo bacteriano fue diluido en serie en caldo MRS, posteriormente 100 µl fue dispensado dentro de una placa Petri con agar MRS e incubado a 37 °C por 12 horas. Después de 12 horas las colonias fueron seleccionadas por características fenotípicas diferentes (color, tamaño, forma, y subcultivadas, para su purificación. Las bacterias purificadas y diferenciadas por tinción de Gram, fueron almacenadas a -20 °C con una solución de glicerol al 15 %.

Extracción de ADN genómico bacteriano

Se procedió a tomar 1.2 ml de caldo pre-enriquecido en MRS y se centrifugó a 10000 rpm por 2 minutos, luego se eliminó el sobrenadante y se resuspendió el sedimento en 500 µl de solución PBS 1X estéril. El nuevo sedimento de bacterias fue diluido en 200 µl de la solución TE (1 M Tris/0.1 M EDTA), se llevó a ebullición por 10 minutos, luego fue colocado inmediatamente sobre hielo por 5 minutos y centrifugado a 10000 rpm por 1 minuto. El sobrenadante fue transferido a otro micro tubo, se realizó un tratamiento con 1 µl de ARNasa por una hora a 37 °C se incubó a 65°C por 15 minutos y se almacenó a -20°C.

PCR amplificación del gen 16S ADNr

Para comprobar la presencia de ADN bacteriano se realizó la PCR dirigida a la amplificación del gen 16S ADNr, para lo cual en cada reacción se tomó 2.5µl de buffer 10X, 1µl de cloruro de magnesio 50 mM, 0.1 unidad de Taq polimerasa (Invitrogen), 0.5 µl de una mezcla de dNTPs 10 mM, 0.6 µl de cada iniciador a 15 pmol, en un volumen final de 25 µl, con 2 µl de ADN genómico, los iniciadores usados fueron F518: (CCAGCAGCCGCGGTAATACG) y R800: (TACCAGGGTATCTAATCC). La programación del termociclador fue el primer ciclo a 94°C por 6 minutos, seguido de 34 ciclos a 94°C por 30 segundos, 58°C por 45 segundos, 72°C por 1 minuto y 1 ciclo final a 72°C por 4 minutos y 4°C por 2 horas. Los productos de la PCR fueron analizados en el gel de electroforesis antes del envío a secuenciar. Las secuencias fueron analizadas comparativamente con las bases de secuencia de Gene Bank (National Center for Biotechnology Information) usando el algoritmo BLAST.

3. Resultados y discusión

Aislamiento e identificación molecular de bacterias ácido lácticas.

30 bacterias aisladas ácido lácticas fueron obtenidas de la muestra fecal, estas bacterias son Gram-positivas y no esporulante con diferentes formas y tamaños, el análisis de secuenciamiento dirigido al Gen 16 ARN ribosómico nos permitió identificar 15 especies de *Weissella* (*W.confusa*, *W. cibaria*); 6 especies de *Pediococcus* (*P. pentosaceus*); una especie de *Lactobacillus* (*L. plantarum*) y otras especies como las del género *Streptococcus* (*S.ictaluri*, *S.infantarius*, *S. equinus*) y una especie de *Planomicrobium* sp.

Las bacterias tienen un grado de identidad del 97% al 100%, a excepción de una especie de *P. pentosaceus* con 76% de identidad para ellos usamos el banco de datos de secuencias Genbank (Tabla I).

Tabla I. Bacterias ácido lácticas aisladas de las heces e identificadas mediante su secuencia parcial del gen 16S ADNr.

Código	Bacteria	% homología
C1	<i>Lactobacillus plantarum</i> strain NGRI 0101	97%
C2	<i>Pediococcus pentosaceus</i>	100%
C3	<i>Pediococcus pentosaceus</i> strain DSM 20336 T	99%
C4	<i>Pediococcus pentosaceus</i> strain DSM 20336 T	100%
C5	<i>Pediococcus pentosaceus</i> strain DSM 20336 T	100%
C6	<i>Pediococcus pentosaceus</i> strain DSM 20336 T	100%
D1	<i>Pediococcus pentosaceus</i> strain DSM 20336 T	76%
D2	<i>Planomicrobium</i> sp. R15	100%
E1	<i>Streptococcus equinus</i> strain D	99%
E2	<i>Streptococcus equinus</i> strain D	98%
E3	<i>Streptococcus ictaluri</i> strain BAA1300	97%
E4	<i>Streptococcus ictaluri</i> strain BAA1300	100%
E5	<i>Streptococcus infantarius</i> strain ICDDR-B-NRC-S5	100%
E6	<i>Streptococcus infantarius</i> strain ICDDR-B-NRC-S5	100%
E7	<i>Streptococcus infantarius</i> strain ICDDR-B-NRC-S5	99%
E8	<i>Weissella cibaria</i> strain CMS3	100%
G2	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	100%
G3	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	100%
G4	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	99%
G5	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	99%
G6	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	100%
G7	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	99%
G8	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	100%
G9	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	99%
H1	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	96%
H2	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	99%
H3	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	99%
H4	<i>Weissella confusa</i> strain BSR5	98%
H5	<i>Weissella confusa</i> strain JCM 1093	99%
Y8	<i>Weissella confusa</i> strain SL3	99%

4. Discusión

En nuestro estudio se aislaron bacterias ácido lácticas Gram positivas de importancia siendo este el primer reporte en sajino, las bacterias identificadas fueron *L. plantarum*, *P. pentosaceus*, *W. cibaria* y *W. confusa*. Los estudios de (24) aislaron *L. plantarum* de las heces del cerdo estudiando características anti inflamatorias en células epiteliales del cerdo (PIE cells), los estudios de (25) mencionan a *P. pentosaceus* como un probiótico de alto potencial y actividad antiviral en células Vero, también estudios de (26) mencionan a *W. confusa* aislada del intestino de la vaca con capacidad de inhibir a la bacteria *E. coli*, además, la especie *W. cibaria* fue aislada de las heces de humano (27) evaluando sus características probióticas.

También encontramos bacterias consideradas patógenas como las del género *Streptococcus* (28) se pudo reportar la bacteria *Streptococcus ictaluri* en el pez gato (*Ictalurus punctatus*) el cual causa morbilidad y mortalidad en diversas etapas de vida de esta especie, otra bacteria que encontramos es *S. infantarius* (29) estudia la patogénesis en la endocarditis como agente causal, la bacteria *S. equinus* en investigaciones (30) fue aislada de lesiones post vacunación.

En *Pediococcus pentosaceus*, se identificó la proteína xylulokinasa regulador del metabolismo de la glucosa y la lipogénesis (31). La proteína NADH peroxidasa, potencial catalizador del peróxido de hidrogeno (32)(33), también se identificó la proteína xylulokinasa regulador del metabolismo de la glucosa y la lipogénesis (31). La proteína NADH peroxidasa, potencial catalizador del peróxido de hidrogeno (32)(33).

En *Weissella cibaria* se identificó la proteína elongación factor Tu, presenta actividad inmunomoduladora (34), actividad de unión a los peptidoglicanos (35)(36). Una proteína elongación factor 4, tiene actividad de síntesis de proteínas bajo condiciones de estrés. La glucanosucrasa tiene un potencial prometedor como aditivo alimentario, ya que cataliza la síntesis de dextrano en la leche suplementada con sacarosa (37). La proteína ribosoma pequeña subunidad dependiente GTPasa tiene una función de maduración de los ribosomas (38).

En *Weissella confusa* se identificó la proteína glyceraldehyde-3-fosfato deshidrogenasa, tipo I, implicada en la reparación de ADN. La proteína de unión ATP –transportador ABC, proporciona una señal de reconocimiento para la escisión mediada por el transductor ABC (39)(40), productor de bacteriocina (41)(42).

5. Conclusiones

Las técnicas dependientes de cultivo *in vitro* han permitido el establecimiento de un cepario de bacterias nativas caracterizadas molecularmente y potencialmente benéficas, pero reducido en términos de cepas aisladas.

Referencias bibliográficas

1. Adeniyi, B. A., Adetoye, A., & Ayeni, F. A. Antibacterial activities of lactic acid bacteria isolated from cow faeces against potential enteric pathogens. African health sciences. 2015; 15 (3), 888-895. <http://dx.doi.org/10.4314/ahs.v15i3.24>

2. Navarro, D., Rengifo, M. E., Ch, T. J. A., & Layche, J. Fomento de la crianza y conservación del sajino (*Pecari tajacu*, linneus 1758) en la comunidad de Nina Rumi, río Nanay (Loreto Perú), 2002.
3. Ducatelle, R., Eeckhaut, V., Haesebrouck, F., & Van Immerseel, F. A review on prebiotics and probiotics for the control of dysbiosis: present status and future perspectives. *Animal*. 2015; 9(1), 43-48. <http://dx.doi.org/10.1017/S1751731114002584>
4. Gresse, R., Chaucheyras-Durand, F., Fleury, M. A., Van de Wiele, T., Forano, E., & Blanquet-Diot, S. Gut Microbiota Dysbiosis in Postweaning Piglets: Understanding the Keys to Health. *Trends in Microbiology*. 2017. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tim.2017.05.004>
5. Wang, Y., Wu, Y., Wang, Y., Xu, H., Mei, X., Yu, D., & Li, W. Antioxidant Properties of Probiotic Bacteria. *Nutrients*. 2017; 9 (5), 521. <http://dx.doi.org/10.3390/nu9050521>
6. Greenblum, S., Turnbaugh, P. J., & Borenstein, E. Metagenomic systems biology of the human gut microbiome reveals topological shifts associated with obesity and inflammatory bowel disease. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2012; 109 (2), 594-599. <https://doi.org/10.1073/pnas.1116053109>
7. Krajmalnik-Brown, R., Ilhan, Z. E., Kang, D. W., & DiBaise, J. K. Effects of gut microbes on nutrient absorption and energy regulation. *Nutrition in Clinical Practice*. 2012; 27 (2), 201-214. <http://dx.doi.org/10.1177/0884533611436116>
8. Kabat, A. M., Srinivasan, N., & Maloy, K. J. Modulation of immune development and function by intestinal microbiota. *Trends in immunology*. 2014; 35 (11), 507-517. <http://dx.doi.org/10.1016/j.it.2014.07.010>
9. Green, G. L., Brostoff, J., Hudspith, B., Michael, M., Mylonaki, M., Rayment, N., & Bruce, K. D. Molecular characterization of the bacteria adherent to human colorectal mucosa. *Journal of applied microbiology*. 2006; 100 (3), 460-469. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-2672.2005.02783.x>
10. Bird, A., Conlon, M., Christophersen, C., & Topping, D. Resistant starch, large bowel fermentation and a broader perspective of prebiotics and probiotics. *Beneficial microbes*. 2010; 1 (4), 423-431. <http://dx.doi.org/10.3920/BM2010.0041>
11. Bäckhed, F., Ley, R. E., Sonnenburg, J. L., Peterson, D. A., & Gordon, J. I. Host-bacterial mutualism in the human intestine. *Science*. 2005; 307(5717), 1915-1920. <http://dx.doi.org/10.1126/science.1104816>
12. Krause, D. O., Bhandari, S. K., House, J. D., & Nyachoti, C. M. Response of nursery pigs to a synbiotic preparation of starch and an anti-*Escherichia coli* K88 probiotic. *Applied and environmental microbiology*. 2010; 76 (24), 8192-8200. <http://dx.doi.org/10.1128/AEM.01427-10>
13. Larsson, J., Aspán, A., Lindberg, R., Grandon, R., Båverud, V., Fall, N., & Jacobson, M. Pathological and bacteriological characterization of neonatal porcine diarrhoea of uncertain aetiology. *Journal of medical microbiology*. 2015; 64 (8), 916-926. <http://dx.doi.org/10.1099/jmm.0.000108>
14. Ward, D. V., Scholz, M., Zolfo, M., Taft, D. H., Schibler, K. R., Tett, A., & Morrow, A. L. Metagenomic sequencing with strain-level resolution implicates uropathogenic *E. coli* in

- necrotizing enterocolitis and mortality in preterm infants. *Cell reports*. 2016; 14 (12), 2912-2924. <http://dx.doi.org/10.1016/j.celrep.2016.03.015>
15. Kabir, S. M. The role of probiotics in the poultry industry. *International Journal of Molecular Sciences*. 2009; 10 (8), 3531-3546. <http://dx.doi.org/10.3390/ijms10083531>
 16. Argudín, M. A., Deplano, A., Meghraoui, A., Dodémont, M., Heinrichs, A., Denis, O., & Roisin, S. Bacteria from Animals as a Pool of Antimicrobial Resistance Genes. *Antibiotics*. 2017; 6 (2), 12. <http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics6020012>
 17. Looft, T., Johnson, T. A., Allen, H. K., Bayles, D. O., Alt, D. P., Stedtfield, R. D., & Hashsham, S. A. In-feed antibiotic effects on the swine intestinal microbiome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2012; 109 (5), 1691-1696. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1120238109>
 18. Cromwell, G. L. Why and how antibiotics are used in swine production. *Animal biotechnology*. 2002; 13(1), 7-27. <http://dx.doi.org/10.1081/ABIO-120005767>
 19. Kim, H. B., Borewicz, K., White, B. A., Singer, R. S., Sreevatsan, S., Tu, Z. J., & Isaacson, R. E. Microbial shifts in the swine distal gut in response to the treatment with antimicrobial growth promoter, tylosin. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2012; 109 (38), 15485-15490. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.1205147109>
 20. Burrough, E. R., Arruda, B. L., Patience, J. F., & Plummer, P. J. Alterations in the colonic microbiota of pigs associated with feeding distillers dried grains with solubles. *PLoS one*. 2015; 10 (11), e0141337. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0141337>
 21. Holman, D. B., & Chénier, M. R. Antimicrobial use in swine production and its effect on the swine gut microbiota and antimicrobial resistance. *Canadian journal of microbiology*. 2015; 61 (11), 785-798. <https://doi.org/10.1139/cjm-2015-0239>
 22. Sandrin, T. R., & Demirev, P. A. Characterization of microbial mixtures by mass spectrometry. *Mass Spectrometry Reviews*; 2017. <http://dx.doi.org/10.1002/mas.21534>
 23. Kambouris, M. E., Pavlidis, C., Skoufas, E., Arabatzis, M., Kantzanou, M., Velegriaki, A., & Patrinos, G. P. Culturomics: A New Kid on the Block of OMICS to Enable Personalized Medicine. *OMICS: A Journal of Integrative Biology*; 2017. <http://dx.doi.org/10.1089/omi.2017.0017>
 24. Villena, J., Saavedra, L., Hebert, E. M., Suda, Y., Masumizu, Y., Albarracin, L., & Kitazawa, H. Draft Genome Sequence of *Lactobacillus plantarum* MPL16, a Wakame-Utilizing Immunobiotic Strain Isolated from Swine Feces. *Genome announcements*. 2017; 5 (10), e00006-17. <https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/64168>
 25. Campbell, T. L., Daigle, D. M., & Brown, E. D. Characterization of the *Bacillus subtilis* GTPase YloQ and its role in ribosome function. *Biochemical Journal*. 2005; 389 (3), 843-852. <https://doi.org/10.1042/BJ20041873>
 26. De Boever, P.; Wouters, R.; Verschaeve, L.; Berckmans, P.; Schoeters, G.; Verstraete, W. Pathogens. Protective effect of the bile salt hydrolase-active *Lactobacillus reuteri* against bile salt cytotoxicity. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2010; 53:709–714. <http://dx.doi.org/10.1007/s002530000330>

27. Lee, K. W., Park, J. Y., Jeong, H. R., Heo, H. J., Han, N. S., & Kim, J. H. Probiotic properties of *Weissella* strains isolated from human faeces. *Anaerobe*. 2012; 18 (1), 96-102. <http://dx.doi.org/10.1016/j.anaerobe.2011.12.015>
28. Shewmaker, P.L., Camus, A.C., Bailiff, T., Steigerwalt, A.G., Morey, R.E., Carvalho, M.G. *Streptococcus ictaluri* sp. nov., isolated from channel catfish *Ictalurus punctatus* broodstock. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2007; 57, 1603–1606. <http://dx.doi.org/10.1099/ijs.0.64810-0>
29. Counihan, K. L., Gill, V. A., Miller, M. A., Burek-Huntington, K. A., LeFebvre, R. B., & Byrne, B. A. Pathogenesis of *Streptococcus infantarius* subspecies coli Isolated from Sea Otters with Infective Endocarditis. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*. 2015; 40, 7-17. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.03.002>
30. Clarke, L. L., Fathke, R. L., Sanchez, S., & Stanton, J. B. *Streptococcus bovis*/S. *equinus* complex septicemia in a group of calves following intramuscular vaccination. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*. 2016; 28(4), 423-428. <https://doi.org/10.1177/1040638716648364>
31. Edgar, R. C., Haas, B. J., Clemente, J. C., Quince, C., & Knight, R. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. *Bioinformatics*. 2011; 27 (16), 2194-2200. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr381>
32. Endo, A., Futagawa-Endo, Y., Kawasaki, S., Dicks, L. M. T., Niimura, Y., & Okada, S. Sodium acetate enhances hydrogen peroxide production in *Weissella cibaria*. *Letters in applied microbiology*. 2009; 49(1), 136-141. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2009.02633.x>
33. Mochizuki, D., Tanaka, N., Ishikawa, M., Endo, A., Shiwa, Y., Fujita, N., & Niimura, Y. Evolution and diversification of oxygen metabolism of aerotolerant anaerobes in the order Bacillales and other bacterial taxonomic groups. *The Bulletin of BISMIS*. 2012; 3 (Part 1), 1-17. https://www.bismis.net/files/BulletinofBISMIS_3-1.pdf
34. Vidal, K., Labéta, M. O., Schiffrin, E. J., & Donnet-Hughes, A. Soluble CD14 in human breast milk and its role in innate immune responses. *Acta Odontologica Scandinavica*. 2001; 59 (5), 330-334. <https://doi.org/10.1080/000163501750541219>
35. Dziarski, R., Ulmer, A. J., & Gupta, D. Interactions of CD14 with components of gram-positive bacteria. In *CD14 in the Inflammatory Response*. 2000; (74), 83-107. <http://dx.doi.org/10.1159/000058761>
36. Heinemann, C., van Hylckama Vlieg, J. E., Janssen, D. B., Busscher, H. J., van der Mei, H. C., & Reid, G. Purification and characterization of a surface-binding protein from *Lactobacillus fermentum* RC-14 that inhibits adhesion of *Enterococcus faecalis* 1131. *FEMS Microbiology Letters*. 2000; 190(1), 177-180. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1574-6968.2000.tb09282.x>
37. Bejar, W., Gabriel, V., Amari, M., Morel, S., Mezghani, M., Maguin, E., & Chouayekh, H. Characterization of glucansucrase and dextran from *Weissella* sp. TN610 with potential as safe food additives. *International journal of biological macromolecules*. 2013; 52, 125-132. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2012.09.014>

38. Himeno, H., Hanawa-Suetsugu, K., Kimura, T., Takagi, K., Sugiyama, W., Shirata, S., & Goto, S. A novel GTPase activated by the small subunit of ribosome. *Nucleic acids research*. 2004; 32 (17), 5303-5309. <https://doi.org/10.1093/nar/gkh861>
39. Kolter, R., & Moreno, F. Genetics of ribosomally synthesized peptide antibiotics. *Annual Reviews in Microbiology*. 1992; 46 (1), 141-161. <https://doi.org/10.1146/annurev.mi.46.100192.001041>
40. Nes, I. F., Diep, D. B., Håvarstein, L. S., Brurberg, M. B., Eijsink, V., & Holo, H. Biosynthesis of bacteriocins in lactic acid bacteria. *Antonie van Leeuwenhoek*, 1996; 70(2), 113-128. <http://dx.doi.org/10.1007/BF00395929>
41. Oppegård, C., Schmidt, J., Kristiansen, P. E., & Nissen-Meyer, J. Mutational analysis of putative helix-helix interacting motifs and tryptophan residues in the two-peptide bacteriocin lactococcin G. *Biochemistry*. 2008; 47 (18), 5242-5249. <https://doi.org/10.1021/bi800289w>
42. Nissen-Meyer, J., Rogne, P., Oppegard, C., Haugen, H. S., & Kristiansen, P. E. Structure-function relationships of the non-lanthionine-containing peptide (class II) bacteriocins produced by gram-positive bacteria. *Current pharmaceutical biotechnology*. 2009; 10 (1), 19-37. <http://dx.doi.org/10.2174/138920109787048661>

Financiamiento

CIENCIACTIVA de CONCYTEC e INCABIOTEC SAC.

Conflicto de intereses

El artículo no presenta conflicto de intereses.

Contribución de autores

Vásquez-Rojas, Lourdes; Fabian-Dominguez, Fredy; Baylon Cuba, Miluska y Sanchez-Cardenas, Hugo: desarrollaron la parte experimental con animales, procesamiento de datos y redacción del manuscrito.

Mialhe, Eric: diseño del estudio de investigación.