**Efecto de *Lactiplantibacillus plantarum* 29 y lisozima sobre la microbiota y parámetros químicos de quesos de pasta dura**

Peralta GH (1,2), Ale EC (1), Vera PA (4), Sánchez R (3), Binetti A (1), Farber M (4), Puebla AF (4), Rebechi S (1), Bergamini CV (1)

1. INLAIN-CONICET, Facultad de Ingeniería Química (FIQ-UNL), Santa Fe, Santa Fe, Argentina.
2. Facultad de Ciencias Agrarias (FCA-UNL), Esperanza, Santa Fe, Argentina.
3. Dirección de Ambiente, Municipalidad de Gualeguaychú, Gualeguaychú, Argentina.
4. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires, Argentina.

guillermoperalta64@gmail.com

El uso racional de fermentos y enzimas líticas podría controlar las bacterias lácticas no provenientes del fermento y aumentar/diversificar el aroma de los quesos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el uso combinado de *Lactiplantibacillus plantarum* 29 (L29) y lisozima en la elaboración de quesos de pasta dura. La cepa L29 (sensible a la lisozima) fue desarrollada a pH libre en un medio de cultivo formulado a partir de permeado de suero de quesería. El nivel de biomasa alcanzado y la concentración de minerales antes y después de la fermentación fue determinado por recuento en placa y por espectrometría ICP-MS, respectivamente. Las células obtenidas en estas condiciones fueron luego utilizadas como cultivo adjunto en la elaboración de quesos con leche termizada (65°C×15s). Se realizaron tres tratamientos por triplicado utilizando una cepa comercial de *Streptococcus thermophilus* como fermento primario: *i)* quesos sin lisozima y sin adjunto (Q1); *ii)* quesos con lisozima (25 ppm) y sin adjunto (Q2); *iii)* quesos con lisozima y con adjunto (L29 a un nivel de 106 ufc/ml, Q3). Se siguió el proceso tradicional de elaboración de queso de pasta dura adaptado a escala laboratorio. Los quesos fueron madurados en cámara a 12 ºC durante 4 meses, y al finalizar se analizaron parámetros químicos (pH, proteína, grasa, humedad, minerales, ácidos orgánicos, perfiles peptídicos, compuestos volátiles) y microbiológicos. La composición de su microbiota fue determinada por secuenciación del gen 16S rDNA a partir del ADN extraído de cada muestra con el kit QIAamp Fast Stool DNA Mini. Los resultados fueron analizados en InfoStat por ANOVA y por análisis estadísticos multivariados en R. Por un lado, el medio de cultivo formulado con permeado de suero de quesería mostró una composición variada de minerales, entre los que se destacan algunos fundamentales para el crecimiento de bacterias lácticas tales como Mg y Mn. De hecho, se observó una disminución de Mn luego del crecimiento de L29. Con respecto a los quesos, se encontraron diferencias en los perfiles de carbohidratos y ácidos orgánicos entre los tratamientos. En particular se observó una reducción significativa de galactosa y ácido cítrico en Q3. La disminución de ambas fuentes de energía, y su concomitante producción de ácido láctico, son de interés en quesería ya que favorecen la biopreservación del producto. A partir del análisis de la microbiota, se identificaron numerosos grupos bacterianos, predominando los géneros *Streptococcus,* y en menor nivel *Lactobacillus,* en todos los tratamientos. Los quesos mostraron diferencias significativas en la diversidad alfa (índice de entropía de Shannon) en el siguiente orden: Q3> Q2> Q1, como así también en la diversidad beta (índice de disimilitud de Bray-Curtis), observándose una clara separación entre tratamientos. El análisis multivariado de los compuestos volátiles y perfiles peptídicos mostró una clara separación entre los tres tipos de quesos destacando el impacto positivo del uso de lisozima y la cepa L29 en la calidad de este producto durante su maduración.

El presente trabajo fue financiado con los proyectos IO-2017-00036, PICT 2018 N°01334.

Palabras Clave: lactobacilo, lisis, biopreservación, lácteos fermentados.