



## ANÁLISIS TAXONÓMICO Y FUNCIONAL DEL METAGENOMA DEL QUESO COTIJA.

Alejandra Escobar-Zepeda<sup>1</sup>, Alejandro Sanchez-Flores<sup>2</sup> y Maricarmen Quirasco<sup>1</sup>. 1. Universidad Nacional Autónoma de México, Fac. Química. Depto. Alimentos y Biotecnología. Cd. Universitaria, 04510, D.F. México. [quirabma@unam.mx](mailto:quirabma@unam.mx), Tel. (55) 5622-5305. 2. Universidad Nacional Autónoma de México IBT-Unidad de Secuenciación Masiva y Bioinformática, 62210, Cuernavaca, Morelos. [alexsf@ibt.unam.mx](mailto:alexsf@ibt.unam.mx)

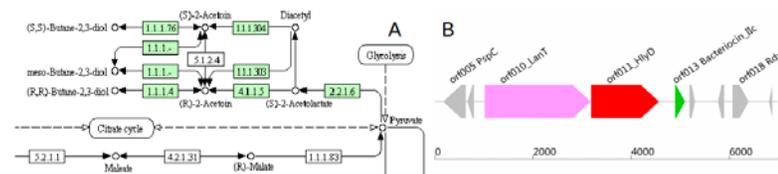
*Palabras clave:* Metagenómica, riqueza bacteriana, anotación funcional.

**Introducción.** Se han identificado 9 géneros bacterianos en el queso Cotija artesanal, mediante métodos de microbiología clásica y moleculares dependientes de PCR. En un estudio de abundancia por FISH se concluyó que los tres géneros encontrados con mayor frecuencia representan ~11% del total de la comunidad bacteriana. Además, son de interés biotecnológico las bacterias del queso productoras de lipasas, proteasas y bacteriocinas. En este trabajo se exploró, mediante un enfoque metagenómico, la riqueza bacteriana del queso Cotija y el potencial metabólico del consorcio bacteriano dirigido a la búsqueda de bacteriocinas y a la reconstrucción de rutas metabólicas relacionadas con el perfil de olor y sabor.

**Metodología.** El ADN total de una muestra representativa de queso Cotija de tres meses de maduración fue secuenciado por la tecnología de Illumina. La anotación taxonómica se realizó a partir de las secuencias generadas mediante la reconstrucción de genes ribosomales 16S (1) y con secuencias de genes marcadores de copia única (2). La segunda parte consistió en el ensamble *de novo* (3), la predicción de ORFs (4) y la anotación de los productos de los genes mediante BLAST contra la base de datos Swiss-Prot, así como la búsqueda de dominios de PFAM.

**Resultados.** La comunidad bacteriana del queso Cotija está compuesta principalmente por Firmicutes y existe una proporción <1% de la riqueza total de Actinobacterias, Proteobacterias y Arqueas.

La población dominante (>60% de la riqueza) incluye a: *Lactobacillus*, *Weissella* y *Leuconostoc*, los dos últimos no se habían detectado con anterioridad en el queso Cotija. En el resto de la población se encuentran, entre otros, a *Lactococcus* y *Pediococcus*, que son consideradas como iniciadoras de la fermentación (Figura 1). Se observaron más de 500 géneros en proporción <1% de la riqueza total de especies. Cabe mencionar que los coliformes representan <0.002% de la riqueza total, y que no se encontraron secuencias relacionadas con patógenos como *Salmonella* spp., *L. monocytogenes*, *Brucella* spp. o *Mycobacterium* spp. El potencial metabólico del consorcio bacteriano reveló genes de rutas metabólicas involucradas en la producción de 22 compuestos volátiles descritos como responsables de conferir olor y sabor en otros quesos (ejemplo en Figura 2A), así como más de 50 compuestos que podrían contribuir al perfil sensorial característico del queso Cotija auténtico.



**Fig.2** A) Ruta metabólica de la producción de diacetilo. B) Contexto genómico de una bacteriocina identificada en la anotación funcional.

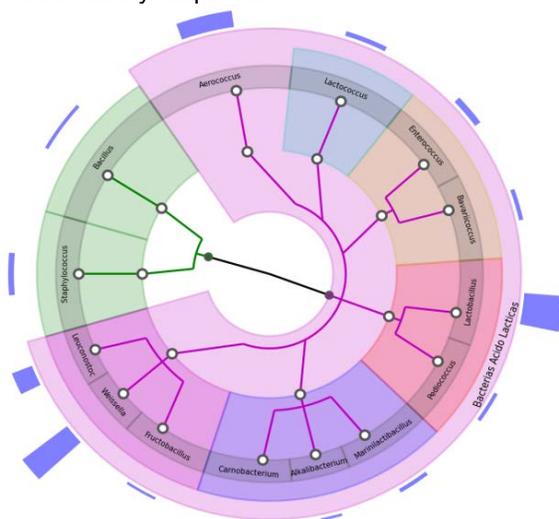
Se obtuvieron 128 fragmentos reconstruidos con al menos un gen codificante para bacteriocinas o genes de inmunidad (Figura 2B) y cuya anotación apuntó a bacterias del orden de los Lactobacillales.

**Conclusiones.** La comunidad microbiana del queso Cotija está conformada principalmente por Firmicutes, existen pocos géneros dominantes y hay una gran diversidad, representada en una proporción muy baja. Los productos de genes predichos relacionados con bacteriocinas presentaron una alta similitud con proteínas procedentes de bacterias Lactobacillales. Fue posible reconstruir rutas metabólicas relacionadas con la producción de compuestos de aroma y sabor en el queso. Lo anterior sugiere que la comunidad bacteriana del queso Cotija y sus funciones son probablemente más diversas con respecto a la de otros alimentos artesanales fermentados.

**Agradecimiento.** PAPIIT IN218613 y USMB-IBT-UNAM.

### Bibliografía.

1. Su X, Pan W, Song B, *et al.* (2014). *PLoS ONE* 9.
2. Kultima J.R, Sunagawa S. Li J. *et al.* (2012). *PLoS ONE* 7.
3. Peng Y, Leung H, Yiu S. *et al.* (2012). *Bioinformatics* 28:1420-1428.
4. Zhu W, Lomsdalen A, Borodovsky M. (2010). *Nucl. Acids Res.* 38.



**Fig. 1.** Géneros bacterianos dominantes en queso Cotija. Las barras indican abundancia relativa.