

Enriquecimiento de un consorcio Microbiano con Actividad Metanotrófica.

Alexis Saldivar¹, Sergio Revah¹

1 Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa, Departamento de Procesos y Tecnología, CDMX, C.P. 05348, srevah@correo.cua.uam.mx

Palabras clave: metano, consorcios microbianos, metagenómica

Introducción. Debido a su bajo costo y a la facilidad para producirlo o extraerlo, el metano se considera una materia prima de siguiente generación para biorrefinerías celulares con productos de alto valor agregado [1]. También es un gas de efecto invernadero con potencial invernadero 23 veces mayor al del CO₂, que se produce por procesos biogénicos y antropogénicos [2].

En este trabajo tiene el objetivo de enriquecer una comunidad microbiana con capacidad de abatir emisiones de metano en bajas concentraciones (<20% v/v) y estudiar las poblaciones que componen el consorcio.

Metodología. Se utilizaron 2.5mL de una muestra ambiental para inocular 25mL de medio de sales de nitrato (por duplicado). Este inóculo se incubó en botellas serológicas de 125mL con atmósfera al 10% v/v de metano, a 28°C, 150r.p.m. La concentración de metano se midió con cromatógrafo de gases GOW-MAC cada dos días. Al haberse agotado el metano (después de dos semanas), se utilizó la biomasa final para inocular un nuevo cultivo. Para enriquecer en bacterias metanotróficas, los cultivos posteriores se re-inocularon disminuyendo sucesivamente el tiempo entre transferencias (1 semana, 5d, 3d, 24hrs y 12hrs), sin importar que el metano no se agotará, esto para seleccionar las poblaciones con la mayor tasa de crecimiento en metano. Las poblaciones presentes en la última transferencia se identificaron mediante secuenciación de la región V4 del gen 16S rDNA.

Resultados. Se realizaron un total de 24 transferencias en un periodo de tres meses. La tasa de consumo específico se incrementó de 33mgCH₄ gCel⁻¹ h⁻¹ en la transferencia 6, a 92mgCH₄ gCel⁻¹ h⁻¹ en la última, lo que sugeriría que la proporción de las poblaciones metanotróficas se incrementaron en el consorcio. Sin embargo, los resultados de secuenciación indican que la población metanotrófica representa solo el 3% del consorcio, mientras el 86% está compuesto por una bacteria metilotrófica. Es posible que se establezca una interacción entre ambas bacterias a través de la alimentación cruzada de metanol [3], aunque en este momento no está claro como la presencia de la metilotrófica afecta a la metanotrófica.

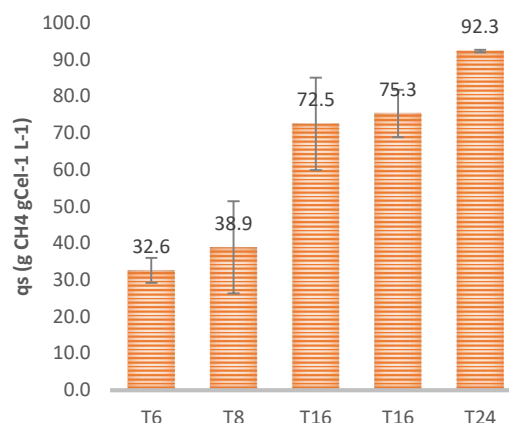


Fig. 1. Consumo específico de metano de transferencias sucesivas.

Conclusiones. Se enriqueció un consorcio metanotrófico de una muestra ambiental. A pesar de que la metodología pretendía enriquecer poblaciones con afinidad al metano, la mayor proporción del consorcio está compuesto por una población metilotrófica. Esto sugiere la existencia de una interacción intrínseca entre ambas poblaciones. El incremento en la tasa de consumo específica de metano de la transferencia 6 a la 24 indica que esta interacción afecta de forma positiva este parámetro, aunque no se sabe la naturaleza real de la interacción.

Agradecimientos.

Bibliografía.

- [1] T. Dong, et al. (2017) *Energy Convers. Manag.* vol. 140, pp. 62–70, “A novel integrated biorefinery process for diesel fuel blendstock production using lipids from the methanotroph, *Methylobacterium buryatense*”
- [2] J. C. López, et al. (2013), *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, vol. 97, pp. 2277–2303, “Biotechnologies for greenhouse gases (CH₄, N₂O, and CO₂) abatement: state of the art and challenges”
- [3] S. M. B. Krause, et al. (2017), *Proc. Natl. Acad. Sci.*, vol. 114, pp. 358–363, “Lanthanide-dependent cross-feeding of methane-derived carbon is linked by microbial community interactions”

