



IDENTIFICACIÓN DE UNA COMUNIDAD MICROBIANA PROVENIENTE DE VENTILAS HIDROTÉRMICAS CON CAPACIDAD PARA DEGRADAR TRICLOROETILENO

Liliana Rosas-Rocha, Claudio Garibay-Orijel, Claudia Guerrero-Barajas⁽¹⁾

(1) Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología - IPN, Departamento de Bioprocesos, México D. F., México. Tel. 57296000 ext. 56391. cguerrero@ipn.mx

Palabras clave: microorganismos, sedimentos, TCE.

Introducción. Compuestos clorados como el tricloroetileno (TCE) son extensamente usados en muchas industrias, siendo contaminantes muy abundantes en ambientes marinos debido a su gran toxicidad, alta capacidad de acumulación y resistencia a ser degradados (1). Es sabido que la degradación de compuestos altamente clorados se puede llevar a cabo por medio de microorganismos y es más eficiente bajo condiciones anaerobias (3). Algunas bacterias usan estos compuestos (ej. TCE) como aceptores de electrones y son degradados a compuestos más simples en procesos de respiración anaerobia. Algunos de los microorganismos que pueden degradar este tipo de compuestos son bacterias sulfato reductoras (BSR) y metanógenas (2). Los sedimentos de ventilas hidrotermales son una fuente rica de estos organismos pero su estilo de vida y su lento crecimiento complican su aislamiento e identificación. El objetivo de este trabajo es aislar e identificar microorganismos anaerobios provenientes de ventilas hidrotermales capaces de remover TCE.

Metodología. Los sedimentos marinos fueron incubados dentro de condiciones anaerobias, en presencia de TCE (200-300 µM) usando lactato como sustrato (350 mg DQO/L) y 4 g/L sulfato; medio basal suplementado con vitaminas del grupo B. Se incubaron a 37° C y pH 7. Luego de 6 meses de incubación se inició el aislamiento del ADN por medio de un kit para extraer muestras de suelos (MOBIO). Por otro lado se realizó el aislamiento en agar de microorganismos tomando como inóculo sedimentos de ventilas hidrotermales bajo las condiciones de cultivo descritas previamente. Se amplificó la región 800- 1400 del gen 16S rDNA, se clonó en el plásmido pPCR 4.0 TOPO y se secuenció utilizando el kit GenomeLab DTCS-Quick Start. Por último las secuencias obtenidas se analizaron en la base de datos del GenBank y en el software Vector NTI.

Resultados y discusión. Al realizar el análisis de las secuencias obtenidas se ha podido identificar en las muestras provenientes de sedimentos la presencia de bacterias similares a *Desulfuromonas palmitatis*, *Clostridium ganghwense*, *Bacillus cereus* y otras 5 más reportadas como no cultivadas en los experimentos en lote (Fig. 1). La secuencia LRR6 fue similar (99.5%) a *Desulfuromonas palmitatis*, anaerobia estricta aislada de

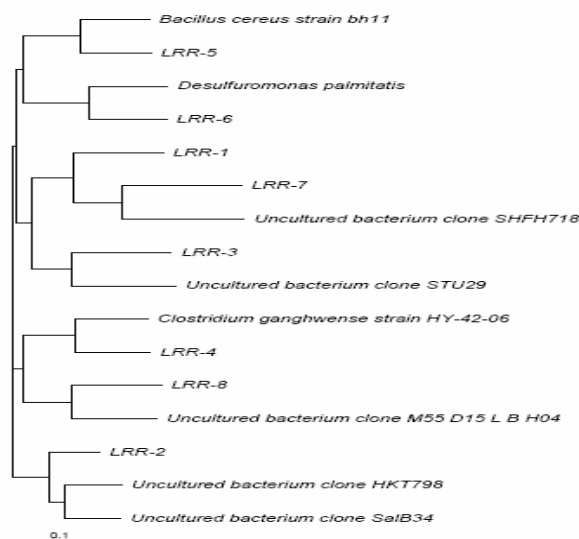


Figura 1. Árbol filogenético de clones identificados y sus similitudes.

sedimentos marinos con hidrocarburos. La secuencia LRR4 fue similar (97.2%) al anaerobio estricto *Clostridium ganghwense* reportado en sedimentos marinos. LRR5 es semejante a *Bacillus cereus* (99.5 %), reportado como de clorador de compuestos alifáticos y clorofenoles. Antes de hacer la identificación de los organismos el porcentaje de remoción de TCE fue aproximadamente de 70% y la aparición de cloruro de vinilo como producto. Demostrando con ello que la comunidad microbiana ha sido capaz de remover TCE en altas concentraciones de sulfato.

Conclusiones. La presencia de una BSR (Clona LRR-6) y una bacteria fermentativa (LRR4) sugiere una asociación sintrófica que puede producir la degradación de TCE. Trabajos futuros involucran la identificación de los aislados además de su comparación con los organismos provenientes de los sedimentos.

Agradecimientos. Becas SIP 20090478 y CONACyT 242656.

Bibliografía.

1. Bouwer, E.J., McCarty, P.L. (1983). Transformation of 1- and 2-carbon halogenated aliphatic organic compounds under methanogenic conditions. *Appl. Environ. Microbiol.* (45): 1286-1294.
2. Holliger Christof, Hahn Dittmar, Harmson Hermie, et.al. (1998). Dehalobacter restrictus gen - nov and sp. nov. a strictly anaerobic bacterium that reductively dechlorinates tetra and trichlorethene in an anaerobic respiration. *Arch. Microbiol* (169):313-321.