



ESTUDIO DE LA DISTRIBUCIÓN DE BACTERIAS ÁCIDO LÁCTICAS EN SEDIMENTOS COSTEROS DE LA PENÍNSULA DE YUCATÁN

Diana Escalante Réndiz¹, Marcela Zamudio Maya¹, Rafael Rojas Herrera^{1,3}, José A. Narváez Zapata², Manuel Camas Moo³, Marisol González Vivas³. Av. Juárez No. 421, Ciudad Industrial, Apdo. Postal 1226-A, Mérida, Yucatán, México. zmaya@uady.mx

¹Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Ingeniería Química

²Centro de Biotecnología Genómica del IPN

³Unidad Sureste. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C

Palabras clave: PCR, cebadores, Bacterias Acido Lácticas.

Introducción. El estudio microecológico en ambientes extremos ha tomado importancia, por ser nicho de distintos microorganismos capaces de vivir en condiciones de estrés físico, químico o biológico, mientras que la gran diversidad de microorganismos existentes en estos ambientes particulares los hacen fuente inagotable de recursos utilizables para el hombre (1,2). En la actualidad, el uso de las Bacterias Ácido Lácticas (BAL) está creciendo de manera significativa en la industria alimentaria, química y biológica (3); estas bacterias han sido aisladas principalmente del tracto digestivo de los animales y alimentos fermentados, sin embargo se ha demostrado que es posible aislarlas de muestras ambientales.

Metodología. Para la estimación de la composición del *Phylum Firmicutes* se elaboró una biblioteca de productos de PCR, utilizando ADN metagenómico extraído de sedimentos de una laguna costera e iniciadores específicos diseñados en este estudio. Se recuperaron y secuenciaron un total de 100 clonas. Los aislamientos bacterianos se realizaron en medio MRS con 0.01% de TTC como indicador, a partir de muestras de sedimentos costeros colectados en diferentes localidades costeras de la Península de Yucatán. La identificación de los aislamientos se llevó a cabo mediante la evaluación de caracteres fenotípicos (tinción de Gram, morfología celular y actividad catalasa) y secuenciación parcial del gen 16S rRNA utilizando iniciadores específicos para BAL diseñados en este estudio.

Resultados y discusión. Los resultados del análisis de secuencias de las clonas recuperadas de la biblioteca de productos de PCR muestran que el género más representado fue *Sporosarcina*, mientras que las bacterias ácido lácticas estuvieron representadas por el género *Weisella* y otras secuencias clasificadas como *Lactobacillales* desconocidas. Un total de 44 clonas correspondieron a secuencias provenientes de microorganismos no cultivados.

La mayoría de los aislamientos recuperados de los sedimentos fueron clasificados dentro de los géneros *Enterococcus*, *Pediococcus* y en menor medida, *Lactobacillus*. Otros aislamientos fueron clasificados como pertenecientes al orden *Lactobacillales*, principalmente dentro de la familia *Carnobacteriaceae*, y posiblemente representen bacterias no cultivadas previamente, dada su baja homología con las secuencias reportadas en las bases de datos.

Conclusiones. El género *Sporosarcina* parece ser el representante mayoritario del *Phylum Firmicutes* en los sedimentos de lagunas costeras de la Península de Yucatán. Fue posible obtener aislamientos de bacterias ácido lácticas a partir de los sedimentos tomados de diferentes sitios costeros de la Península. Los géneros *Enterococcus* y *Pediococcus* son los más representados en las muestras tomadas y presentaron una distribución amplia, pues fueron aislados en la mayoría las localidades muestreadas.

Agradecimientos. Al fondo Sectorial de Investigación Ambiental por el apoyo al proyecto FOSEMARNAT-2004-01-280

Bibliografía.

1. Daniel, R. (2004) The soil metagenome - a rich resource for the discovery of novel natural products. *Curr Opin Biotech* **15**, 199-204.
2. Schloss, P. and Handelsman, J. (2003) Biotechnological prospects from metagenomics. *Curr Opin Biotech* **14**, 303-310.
3. Klaenhammer, T., et al. (2002) Discovering lactic acid bacteria by genomics. *Antonie van Leeuwenhoek* **82**, 29-58.