

## AISLAMIENTO, IDENTIFICACIÓN Y EVALUACIÓN DE BACTERIAS CAPACES DE DEGRADAR CLOROAROMÁTICOS

Torres Arredondo Nahum, Fortunata Santoyo Tepole<sup>1</sup>, Juárez Ramírez Cleotilde<sup>2</sup>, Rigel Gómez Acata, Juvencio Galíndez Mayer<sup>3</sup>, Nora Ruiz Ordaz<sup>3</sup>. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Instituto Politécnico Nacional. Prolongación de Carpio y Plan de Ayala. Colonia Casco de Santo Tomás. México, D.F., CP 11340 Tel. 57296000 Ext. 62352. e-mail: nahum61@hotmail.com  
<sup>1</sup>Becario CONACyT, <sup>2</sup>Becario COFAA y EDD, <sup>3</sup>BECARIO COFAA, EDI y SNI.

*Palabras clave: Plaguicidas, cloroaromáticos, biodegradación.*

**Introducción.** El desarrollo de la agricultura, ha incrementado el uso de sustancias orgánicas como los plaguicidas y herbicidas. Estos compuestos tienen estructuras que no están presentes en la naturaleza (xenobióticos) y por lo tanto la capacidad de los microorganismos para metabolizarlos, depende en gran parte de la persistencia en el ambiente y de la toxicidad de esos contaminantes [1]. Un ejemplo, son los compuestos cloroaromáticos que se utilizan como materia prima para la producción o formulación de plaguicidas. Se han estudiado poblaciones microbianas y cepas puras, con el fin de desarrollar sistemas que operan bajo condiciones aerobias o anaerobias para su biodegradación [2].

El objetivo de este trabajo es evaluar la capacidad de degradación del ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) y otros compuestos cloroaromáticos por microorganismos aislados de muestras de suelo contaminados con herbicidas.

### Metodología.



### Resultados y discusión.

Se logró seleccionar y aislar a una población microbiana, que degrada a la mezcla de los cloroaromáticos. Los microorganismos aislados se identificaron mediante la secuenciación del 16S rDNA y mediante la búsqueda en la base de datos y se estableció la homología (número de acceso) con los siguientes géneros: *Achromobacter* (AJ278451), *Burkholderia sp* (CP000150), *Leifsonia* (AY509237), *Klebsiella* (AY779526) y *Stenotrophomonas* (AY486381).

Se amplificó un fragmento de la región específica 16S rDNA, a partir del DNA de cada uno de los microorganismos que integran a la población, empleando

los iniciadores U968 (G-C) y L1401, para obtener un amplicón de 450 bp. El amplificado se sometió a un proceso de separación por Electroforesis en Gel con Gradiente de Temperatura (TGGE), para poder observar una banda característica que determinó, la presencia o ausencia de cada microorganismo en el quimiostato. Fig.1

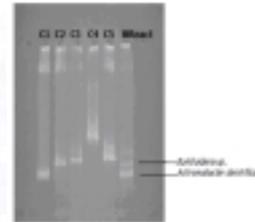


Figura 1. Patrón electroforético (TGGE) de cada cepa aislada.

Se evaluó la degradación del herbicida 2,4-D, el 2,4-diclorofenol y el 4-clorofenol en cultivos por lote, utilizando a cada microorganismo aislado. Los resultados se muestran en la tabla 1.

Tabla 1 Eficiencias de remoción de los cloroaromáticos por cada bacteria aislada.

Cepa	Eficiencias de remoción (%)		
	2,4-D	2,4-diclorofenol	4-clorofenol
<i>Achromobacter denitrificans</i>	84	90	24
<i>Burkholderia sp.</i>	100	99	100
<i>Leifsonia xily</i>	65	12	28
<i>Klebsiella sp.</i>	71	32	18
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	63	96	26

### Conclusiones.

- Mediante TGGE, se lograron identificar en el quimiostato a las cepas *Achromobacter denitrificans* y *Burkholderia sp.* como predominantes.
- De las cepas aisladas sólo *Burkholderia sp* fue capaz de degradar en cultivo por lote a todos los componentes de la mezcla de xenobióticos.
- Todas las cepas aisladas fueron capaces de degradar al herbicida 2,4-D, en cultivo por lote, en forma parcial o total.

**Agradecimiento.** A SIP, PIFI y COFAA por los apoyos económicos brindados para la realización de este trabajo.

### Bibliografía.

- Chaudhry, G.S & S. Chapalamadugu. 1991. Biodegradation of Halogenated Organic Compounds. *Microbiological Reviews*. 55(1):59-79.
- Zhang X. & J. Wiegel. 1990. Sequential anaerobic degradation of 2,4-dichlorophenol in freshwater sediments. *Appl. Environmental Microbiology*. 56: 1119-27.