



# XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



## ANÁLISIS DE LAS ASOCIACIONES POBLACIONALES DE UN CONSORCIO BACTERIANO DURANTE LA DEGRADACIÓN DE HEXADECANO

Olivia Tzintzun Camacho, Octavio Loera Corral, Hugo César Ramírez Saad, Mariano Gutiérrez Rojas, Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa, Departamento de Biotecnología, Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina, Iztapalapa, C.P. 09340, D.F., México. e. mail: oliviatic@gmail.com

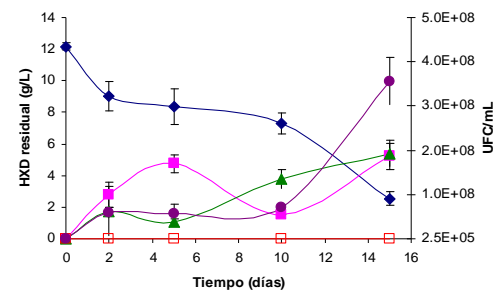
*Palabras clave:* asociación poblacional, consorcio bacteriano, degradación de hexadecano

**Introducción.** El empleo de cultivos mixtos para la biorremediación de sitios contaminados ofrece ventajas que se basan en los efectos sinérgicos entre los miembros de la asociación (1). La cooperación entre las actividades metabólicas de las poblaciones influye directamente en la degradación de hidrocarburos, obteniéndose una mayor capacidad de degradación por cultivos mixtos en comparación con los cultivos puros (2). El objetivo de este trabajo fue elucidar las asociaciones entre las cepas de un consorcio bacteriano definido y evaluar su capacidad para degradar hexadecano.

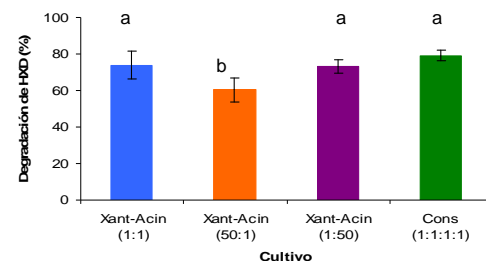
**Metodología.** Se empleó un consorcio bacteriano integrado por *Xanthomonas* sp., *Acinetobacter bouvetii*, *Shewanella* sp. y *Deffluvibacter lusatiensis*. Los estudios de degradación se realizaron en botellas serológicas con medio mineral (50 mL) y hexadecano (HXD) (13 g/L). Las botellas se inocularon con volúmenes variables de los cultivos puros, creciendo en caldo nutritivo, para obtener una concentración inicial total de  $1 \times 10^6$  UFC/mL. Se diseñaron inóculos considerando las cepas mencionadas anteriormente, todas en la misma proporción (1:1:1:1); además de los cultivos con *Xanthomonas* sp. y *A. bouvetii* en diferentes proporciones (1:1; 50:1; 1:50). Los cultivos se incubaron por 15 días (30°C, 200 rpm). El HXD residual fue cuantificado por CG-FID y el crecimiento bacteriano por la realización de cuentas viables (3). Las pruebas se realizaron por triplicado y analizadas por ANOVA ( $p \leq 0.5$ , NCSS).

**Resultados.** Como se muestra en la Fig. 1, el consorcio degradó  $79 \pm 3\%$  del HXD inicial en 15 días y se observaron cambios en el crecimiento de las cepas; *Xanthomonas* sp fue dominante al inicio del cultivo, mientras que al final, *D. lusatiensis* alcanzó los valores más altos ( $3.6 \times 10^8$  UFC/mL). Asimismo, se observó una relación inversa en el crecimiento de *Xanthomonas* sp y *A. bouvetii*, ya que, conforme la población de *Xanthomonas* sp. aumentó, la de *A. bouvetii* disminuyó. Con el propósito de evaluar la capacidad de degradación de la asociación entre *Xanthomonas* sp. y *A. bouvetii*, se evaluaron diferentes proporciones de estas dos cepas (Fig. 2). Se observó una alta capacidad de degradación con las proporciones 1:1 y 1:50, muy similar a la degradación observada por el consorcio ( $74 \pm 7\%$ ,  $73 \pm 3\%$  y  $79 \pm 3\%$ , respectivamente). Mientras que con la proporción 50:1 la degradación fue significativamente

menor ( $60 \pm 6\%$ ). Los resultados indican que la proporción en la que se encontraron estas dos cepas (*Xanthomonas* sp. y *A. bouvetii*) influyó directamente en la degradación del HXD.



**Fig. 1.** Cinéticas de degradación de HXD y crecimiento de las cepas de un consorcio bacteriano. Símbolos: HXD residual, (♦); *Xanthomonas* sp., (◆); *A. bouvetii*, (▲); *Shewanella* sp., (□); *D. lusatiensis*, (●).



**Fig. 2.** Degradación de HXD por diferentes proporciones del cultivo *Xanthomonas* sp.+ *A. bouvetii* y el consorcio bacteriano.

**Conclusiones.** La capacidad de degradación del consorcio bacteriano depende de la asociación entre *Xanthomonas* sp y *A. bouvetii*. La simplificación del consorcio, usando solo estas dos cepas, mantiene la capacidad de degradación de HXD. Lo que abre la posibilidad para diseño de inoculantes.

**Agradecimiento.** Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT), Beca No. 203419 y PEMEX-Refinación.

### Bibliografía.

- Mukred A.M., Hamid A.A., Hamzah A., Yusoff W.M.W. (2008). *J Biol Sci.* 8 (4): 73-79.
- Wang Z., Zhang J., Zhang Y., Hesham A.L., Yang M. (2006). *Biotechnol Lett.* 28 (9): 617-621.
- Díaz-Ramírez I.J., Ramírez-Saad H., Gutiérrez-Rojas M., Favela-Torres E. (2003). *Can J Microbiol.* 49 (12): 755-761.