

BIOPROSPECCIÓN METAGENÓMICA DE LA COMUNIDAD MICROBIANA BP8 SELECCIONADA POR SU CAPACIDAD DE DEGRADAR POLIÉTER-POLIURETANO-ACRÍLICO Y OTROS XENOBIÓTICOS

¹Itzel Gaytán, ¹Ayixon Sánchez, ²Manuel Burelo, ¹Martín Vargas-Suárez, ⁴Ivan Liatchko, ³Javier Cruz-Gómez, ¹Hermينيا Loza-Tavera

¹Departamento de Bioquímica, ²Departamento de Química Analítica, ³Departamento de Ingeniería Química, Facultad de Química, UNAM. CDMX. 04310. México. ⁴Phasegenomics. 4000 Mason Road, Fluke Hall/Suite 225, Seattle, WA 98195, USA. hlozat@unam.mx

Palabras clave: metagenoma, biodegradación, poliuretano, xenobióticos, enzimas degradativas

Introducción. Los plásticos son polímeros sintéticos de composición diversa, entre los que se encuentra el poliuretano (PU), utilizado ampliamente por su versatilidad, pero debido a su limitado reciclaje se desecha en basureros o rellenos sanitarios donde tarda cientos de años en degradarse generando graves problemas de contaminación. El PU tiene menos de 70 años de haberse inventado por lo que los microorganismos saprófitos no son capaces de mineralizarlo. Se han aislado cepas de bacterias y hongos capaces de atacarlo (1), pero la actividad de comunidades bacterianas, las cuales podrían ser más exitosas en la biodegradación, ha sido poco estudiada. Asimismo, se han identificado diversas PU-esterasas, pero muy pocas enzimas que atacan al uretano (carbamato) (2) u otros grupos funcionales del polímero. El estudio bioquímico, genético y molecular de estos microorganismos permitirá conocer las reacciones, las enzimas y los genes involucrados en la degradación del PU y brindará la posibilidad de su manipulación biotecnológica y la reutilización de los productos de degradación en procesos de economía circular (3).

Objetivos. Caracterizar la actividad degradativa y realizar un análisis metagenómico funcional de la comunidad microbiana BP8 aislada del basurero Bordo Poniente por su capacidad de crecer en un barniz comercial de poliéter-poliuretano-acrílico (PE-PU-A).

Metodología. PU deteriorado se usó como inóculo en un medio mineral con el barniz PolyLack como única fuente de carbono. El barniz, además del copolímero de PE-PU-A, contiene N-metilpirrolidona (NMP), 2-butoxietanol (BE), isopropanol (IP) y dipropilenglicoles (DPG) como aditivos. Después de varias rondas de cultivo, se seleccionó a la comunidad BP8. Se analizó la degradación de los componentes del barniz por espectroscopía FTIR, GC-MS, TG/DTG, DSC y GPC por 20 días. Se extrajo DNA de la comunidad y se analizó por un método de deconvolución de genomas (Hi-C-based contact probability maps) empleando el algoritmo MetaPhase (4).

Resultados. Los solventes se consumieron mayoritariamente durante los 3 primeros días de cultivo y también se observaron productos de degradación del copolímero desde tiempos tempranos, mostrando ataque a los grupos éster, carbamato, éter y compuestos aromáticos. Se observó también disminución de la masa molecular del copolímero. La deconvolución del metagenoma permitió reconstruir en 95% los genomas de 5 especies bacterianas, identificando 18,386 genes, de los cuales solo el 48% (8,637) fueron asociados con una función. De estos, 159 codifican proteínas que participan en vías de degradación de xenobióticos (benzoato, n-alcanos, IP, NMP). Entre ellas se encontraron deshidrogenasas, monooxigenasas, dioxigenasas, carboxilasas, decarboxilasas, CoA transferasas y ligasas, tiolasas, hidantoinasas, oxidasas, hidrolasas y enzimas posiblemente involucradas en la ruptura de los enlaces éter del BE y DPG, tales como superóxido dismutasa, "dye-decolouring" peroxidasa, monooxigenasa O-demetilante y glutatión S-transferasas. También se identificaron nueve genes homólogos a PU-esterasas y cinco homólogos a enzimas con actividad tipo amidasa (carbamil hidrolasa, uretanasas) y ureasas que podrían atacar los enlaces carbamato del PU.

Conclusiones. Los miembros de la comunidad BP8 contienen genes que codifican proteínas involucradas en la degradación de xenobióticos y PE-PU-A. El análisis metagenómico permitió identificar genes con potencial biotecnológico para su aplicación como biocatalizadores en reacciones de biodegradación de xenobióticos y en diferentes sectores industriales.

Agradecimientos. Por el apoyo económico brindado a DGAPA-PAPIIT-UNAM (IN217114, IN223317) y al PAIP-FQ (5000-9117). A la USAI-FQ y al Instituto de Materiales, UNAM, por el apoyo con algunas técnicas analíticas. IGE agradece a CONACYT por la beca de doctorado en el Posgrado en C. Bioquímicas, UNAM. ASR agradece a DGAPA-UNAM por la beca para realizar una estancia posdoctoral en la Facultad de Química, UNAM.

Bibliografía. 1. Howard G (2002) *Int. Biodeterior. Biodegradation*. 49:245-252. 2. Akutsu-Shigeno Y et al. (2006) *Appl Microbiol Biotechnol*. 70:422-429. 3. Cregut M et al. (2013) *Biotechnol. Adv.* 31:1634-1647. 4. Burton JN, Liachko I et al. (2014) *G3 (Bethesda)* 4:1339-1346.