

ASLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE HONGOS FILAMENTOSOS DE RESIDUOS DEL PROCESO DE PELAMBRE DE UNA INDUSTRIA CURTIDORA

José Manuel Porras-Estala, Martín Barajas-Segoviano, Raúl Reyes-Bautista, José de Jesús Mendoza-Pedrosa, Yeny Lizzet Couch-Uicab*

Instituto Tecnológico Superior de Purísima del Rincón, División de Ingeniería Bioquímica. Purísima del Rincón, Guanajuato, México. CP 36413, Email: *yeny.cu@purisima.tecnm.mx.

Palabras clave: aislamiento, hongo, queratina

Introducción. En el 2013 en México se curtieron 10.6 millones de cueros en más de 900 tenerías principalmente localizadas en el estado de Guanajuato, 2.3 de los 10.6 millones se produjeron con 62 mil toneladas de cuero crudo importado (1), se estima que alrededor del 5% de pelo seco se recupera en base al peso de la piel en bruto durante el proceso de pelambre (2). Si calculamos el 5% de la cantidad antes mencionada se obtiene que 3.1 mil toneladas de pelo residual es recuperado, sin embargo, este residuo al igual que los residuos sólidos generados por las tenerías suelen ser dispuestos en sitios identificados y sin un tratamiento óptimo estos residuos representan un serio problema medioambiental. La queratina es el principal componente de este residuo y a su vez un recurso de alto valor agregado potencialmente valioso que por medio de hidrólisis o enzimática permite obtener una gama de productos valiosos tales como biofertilizantes, cosméticos, biogás, etc. (2).

Por lo que el objetivo del presente trabajo fue aislar e identificar molecularmente hongos filamentosos a partir de los residuos del proceso de pelambre que presenten actividad queratinolítica.

Metodología. Se colectaron agua y pelo residual del proceso de pelambre de una tenería de la ciudad de León, Gto. El aislamiento se hizo colocando pelo residual dentro de placas de agar (3) y diluciones seriadas en placas con medio PDA suplementado con 100 mg/ml de ampicilina y en servilletas humedadas estériles; los hongos obtenidos se purificaron mediante resiembra sucesivas en placas de medio PDA antes de ser sometidos a pruebas de selección basadas en la capacidad para crecer sobre sustratos queratináceos desgrasados como única fuente de nutrientes. Los hongos se identificaron mediante afinidad filogenética en las bases Genbank y UNITE de las secuencias de la región ITS amplificada por medio de los cebadores de White de ADN nuclear extraído a través de un protocolo basado en las descripciones de Liu (4).

Resultados. Se aislaron 10 hongos, 9 del pelo residual y 1 del agua residual del proceso (Fig. 1), de los cuales 6 mostraron un crecimiento notable sobre sustratos queratinosos después de 21 días de incubación a 28°C (Fig. 2) de los cuales 6 fueron secuenciados y 5 se identificaron hasta nivel de especie con un porcentaje de identidad superior al 98% en ambas bases de datos (tabla 1).



Figura 1. Aislamiento de Hongos de residuos de pelo.

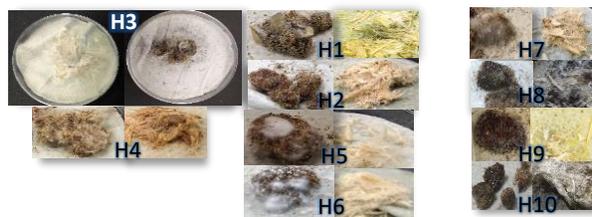


Figura 2. Preselección de hongos

Los hongos aislados, preseleccionados e identificados son miembros del grupo de ascomicetos, concretamente destacando 2 familias la *Trichocomaceae* y *Microascaceae*.

Tabla 1. Hongos Identificados.

Hongo	% (I) NCBI	% (I) UNITE	Organismo	Asociación Filogenética
H2	99	99.46	<i>Byssoschlamys nivea</i>	Ascomicetos Trichocomaceae
H3	100	100	<i>Scedosporium boydii</i>	Ascomicetos Microascaceae
H4 (AP)	98	96.74	<i>Aspergillus sp.</i>	Ascomicetos Trichocomaceae
H5	100	100	<i>Aspergillus cejpaii</i>	Ascomicetos Trichocomaceae
H6	100	100	<i>Aspergillus cejpaii</i>	Ascomicetos Trichocomaceae
H7	99	99.82	<i>Byssoschlamys nivea</i>	Ascomicetos Trichocomaceae

I: Identidad

Conclusiones. El aislamiento de microorganismos con potencial biotecnológico obtenidos de residuos de la industria curtidora de cuero mostraron un potencial crecimiento de sobre pelo y pluma lo cual indica la presencia de actividad queratinolítica que podría ser utilizada con la finalidad de dar un valor agregado a estos residuos.

Agradecimientos. Dr. Juan Collin Mullins del ITESI Irapuato por el apoyo brindado durante la extracción del ADN y posterior amplificación de los ITS de los hongos aislados

Bibliografía.

- (1) Bernal, G. (2014). *Periódico Correo*. Recuperado 26 de noviembre de 2018.
- (2) Sundar J. et al. (2011). *Rev Environ Sci Biotechnol*, 10(2), 151–163.
- (3) Cao et al., (2008). *Lett Appl Microbiol*, 46(3), 389–394.
- (4) Liu et al., (2000). *J Clin Microbiol*, 38, 471.