

IDENTIFICACIÓN POLIFÁSICA DE MICROORGANISMOS AISLADOS DE AGUAS RESIDUALES DEL MATADERO DEL MUNICIPIO DE MINERAL DEL MONTE.

Diana Laura Robles Morales¹; Alejandro Reyes Cervantes¹; Miguel Ángel Anducho Reyes², Sergio Alejandro Medina Medina¹, Patricia Ester Lappe Oliveras³; Rebeca Martínez Flores³, Angélica Jiménez González¹. Universidad Politécnica de Pachuca, Laboratorio de Bioprocesos ambientales¹, Aprovechamiento Integral de Recursos Bióticos²; Universidad Nacional Autónoma de México, Departamento de Botánica del Instituto de Biología³. Zempoala, Hidalgo. 43830, diana17roble@gmail.com

Palabras clave: Actividades biológicas, Aguas residuales, Identificación polifásica.

Introducción. En México se desechan 15,010 m³/d de aguas residuales por la actividad de sacrificio de animales (rastros), estas son caracterizadas por un alto contenido de materia orgánica, generando problemas como: la proliferación de microorganismos patógenos, que pueden causar enfermedades en los seres humanos, así como efectos negativos al ambiente (1). Se ha realizado el tratamiento biológico de estas aguas residuales para la reducción de C y N, obteniendo eficiencias de 95 y 80 % respectivamente, sin embargo, para estos procesos se realizan diluciones del agua residual, para evitar la inhibición por sustrato, debido a las altas concentraciones, además de requerir de tiempos de reacción largos (2). Con base en lo anterior una alternativa para el proceso es el aislamiento de microorganismos de la fuente de contaminación y la evaluación del potencial metabólico de las cepas para su aplicación en el tratamiento de las aguas residuales. El objetivo del trabajo fue aislar e identificar microorganismos provenientes de aguas residuales del matadero de Municipio de Mineral del Monte mediante la determinación de actividades biológicas para su posible aplicación en el diseño de un consorcio microbiano definido en el tratamiento biológico.

Metodología. Del Matadero del Municipio de Mineral del Monte, Hidalgo se realizó el muestreo de las aguas residuales para el aislamiento de los microorganismos. De los aislados se identificaron las características morfológicas, pruebas bioquímicas y secuenciación de los genes 16s rRNA e ITS para hongos y bacterias respectivamente. El árbol filogenético se construyó utilizando el método Neighbor-Joining, con un análisis bootstrap de 10,000,000 repeticiones para determinar los valores de confianza para los clados (3). Además, se determinaron las actividades enzimáticas de lipasas y proteasas (4,5).

Resultados. Se realizó la caracterización fisicoquímica y microbiológica del agua residual de matadero (A.R.M) de Mineral del Monte obteniendo 21,286 ± 1.66 mgDQO/L. Este valor supera los límites máximos permisibles para su descarga al alcantarillado. Por otra parte, del A.R.M se aislaron e identificaron molecular y fenotípicamente 9 microorganismos, de los cuales 4 fueron bacterias y 5 hongos estos fueron clasificados utilizando criterios macroscópicos microscópicos, bioquímicos e identificados con un porcentaje mayor del 90%, (ver primera columna Tabla 1). A cada cepa se le realizaron actividades enzimáticas obteniendo los valores más altos para *L. fusiformis* y *L. corymbifera* (actividad lipolítica con 30 y 17.3 µmol ac. grasos/ mL respectivamente), mientras que la actividad máxima proteolítica se obtuvo en *L. fusiformis* y *G. candidum* con 7.27 y 1.43 UA ver Tabla 1.

Tabla 1. Actividades enzimáticas para cada microorganismo.

Cepa	Porcentaje de identidad	Lipasa (µmol ac grasos/ mL)	Proteasa UA/mL
<i>Kocuria rhizophila</i>	99	NP	4.4 ± 0.17
<i>Staphylococcus hominis</i>	99	25 ± 0.15	2.1 ± 0.41
<i>Lysinibacillus fusiformis</i>	99	30 ± 0.11	7.2 ± 0.64
<i>Bacillus subtilis</i>	99	26.6 ± 0.57	6.2 ± 0.21
<i>Lichteimia corymbifera</i>	99	17.3 ± 0.14	0.8 ± 0.17
<i>Geotrichum candidum</i>	100	NP	1.1 ± 0.11
<i>Cladosporium cladosporioides</i>	100	6.8 ± 0.28	1.4 ± 0.18
<i>Cladosporium tenuissimum</i>	100	4.9 ± 0.70	1.0 ± 0.29
<i>Aspergillus versicolor</i>	100	15.3 ± 0.14	0.7 ± 0.70

*NP – No presente

Conclusiones. Se identificaron polifásicamente 9 microorganismos: *Kocuria rhizophila*, *Staphylococcus hominis*, *Lysinibacillus fusiformis*, *Bacillus subtilis*, *Lichteimia corymbifera*, *Geotrichum candidum*, *Cladosporium cladosporioides*, *Cladosporium tenuissimum* y *Aspergillus versicolor*, los cuales presentaron actividades metabólicas para la eliminación de grasas y proteínas, por lo que podrían ser empleados en el diseño de un consorcio microbiano definido para el tratamiento de A.R.M.

Agradecimientos. Se agradece a CONACYT por la beca otorgada # 605065.

Bibliografía.

1. Bustillo-Lecompte C.F. & Mehrab-Mehrab. (2015). *J. Environ Manage.* 161:287-302
2. Bustillo-Lecompte, C.F., Mehrvar, M. & Quiñones-Bolaños, E. (2014). *J. Environ Manage.* 134:145-152.
3. Felsenstein J. (1985). *Evolution.* 39:783-791.
4. Tembhurka V.R. & Kulkarni M.B., Peshwe S.A. (2012). *Sci. Res. Repot.* 2:46-50
5. Cupp-Enyard, C. (2008). *J. Vis Exp.* 19: 899

