

Póster

Bacterias aerobias procedentes de humedales artificiales degradadoras de Dimetilfenoles



Curiel, M., Vásquez, M. A., 1. Camacho, E. M., 2. Heipieper, H.

1. Departamento de Biotecnología Medioambiental, Helmholtz Centre for Environmental Research-UFZ, Leipzig (Alemania)
2. Centro Andaluz de Biología del Desarrollo. Área de Microbiología. Dpto. de Biología Molecular e Ingeniería Bioquímica Universidad Pablo de Olavide

Palabras clave: HHAA; Dimetilfenoles; cometabolismo;

RESUMEN

Motivación: Los humedales artificiales (HHAA) constituyen una tecnología apropiada para el tratamiento de las aguas residuales municipales e industriales. Estos sistemas tienen como papel principal la mineralización y transformación de los contaminantes orgánicos por los microorganismos que colonizan la rizosfera. Los Dimetilfenoles (DMP) son componentes típicos de las aguas residuales de la industria petroquímica y carboquímica; tóxicos por ingestión y absorción de la piel [1]. Son compuestos peligrosos para la vida acuática, las plantas y muchos otros organismos, actuando como un sustrato inhibitorio en la biotransformación [2]. Están presentes en 6 formas isoméricas (DMP-2,3; DMP-2,4; DMP-2,5; DMP-2,6; DMP-3,4; DMP-3,5) [3]. Por esta razón, la comprensión de los procesos de degradación de bacterias que habitan en HHAA es un planteamiento importante para optimizar estos sistemas de tratamiento.

Métodos: Diferentes HHAA fueron alimentados con aguas residuales fenólicas industriales y/o artificiales [4]. Las muestras de grava, agua y las raíces se inocularon en medio mínimo líquido con una mezcla equimolar de los isómeros DMP-2,6/3,4/3,5 como única fuente de carbono y de energía. Las bacterias fueron aisladas e identificadas por secuenciación del ADN_r16S. Los aislados fueron inoculados en m.m con la anterior mezcla de isómeros de DMP, donde se obtuvo una única cepa degradadora. Ésta fue sometida a ensayos de degradación con cada uno de los isómeros por separado y con diferentes mezclas de isómeros.

Resultados: De 20 aislados solo *Delftia acidovorans* fue capaz de degradar los isómeros de DMP-2,3 y DMP-3,4 por separados. La mezcla de DMP-2,3/2,5/3,4 resultó ser muy eficiente para nuestra bacteria, llegando todos los isómeros a una concentración del 0%. También se observó que en la mezcla con los isómeros de DMP-2,6/3,4/3,5, *Delftia* también degradó el isómero DMP-3,5.

Conclusiones: *D. acidovorans* es capaz de degradar solo los isómeros de DMP 2,3 y DMP-3,4, ya que resultan ser sustratos adecuados que proporcionan poder reductor y energía para la bacteria [5]. El isómero DMP-2,5, es solo degradado en presencia de los isómeros DMP-2,3 y DMP-3,4, al igual que el isómero DMP-3,5 que se degrada en la mezcla en presencia del isómero DMP-3,4. Probablemente se debe a un caso de cometabolismo, tratándose de una transformación colateral a la degradación del sustrato el cual induce la actividad enzimática para la degradación del cosustrato (DMP-2,5 y DMP-3,5) [6].

BIBLIOGRAFIA

- [1] Watson, I.D., McBride, D., Paterson, K.R., 1986. Fatal xylene self-poisoning. *Postgrad.Med. J.* 62, 411–2.
- [2] Kotturi G, Robinson CW, Inniss WE. Phenol degradation by a psychrotrophic strain of *Pseudomonas putida*. *Appl Microbiol Biotechnol* 1991;34(4):539-543.
- [3] Pilato L. Cap.2. Phenols. *Phenolic Resins: A century of progress*. 1st ed.: Springer; 2010. p. 20-21.
- [4] Spain JC, Zylstra GJ, Blake CK, Gibson DT. Monohydroxylation of phenol and 2,5-dichlorophenol by toluene dioxygenase in *Pseudomonas putida* F1. *Appl Environ Microbiol* 1989 Oct;55(10):2648-2652
- [5] Janke, D. y Fristche, W. (1985). Nature and significance of Microbial cometabolism of xenobiotics. *Journal of Basic Microbiology* 25, 603-61
- [6] M. García-Rivero^{1,*} y M. R. Peralta-Pérez². COMETABOLISM IN THE BIODEGRADATION OF HYDROCARBONS. *REVISTA MEXICANA DE INGENIERÍA QUÍMICA* Vol. 7, No. 1 (2008) 1-12.