

Póster

Bacterias degradadoras de Dimetilfenoles procedentes de aguas residuales

Vásques M., Heipieper H., Blázquez R.

Departamento de biotecnología ambiental/Empresa Helmholtz-Zentrum für Umweltforschung - UFZ ,
Dirección: Permoser, 15

Palabras clave: aguas residuales; dimetilfenol; bacterias degradadoras

RESUMEN

Motivación: Este estudio se centra en la biodegradación de compuestos fenólicos, como los dimetilfenoles, debido a los perjuicios causados en los seres humanos y en el medioambiente.

Métodos: Se tomaron muestras de aguas residuales procedentes de Leuna, cuyo municipio se encuentra la mayor industria química de Alemania, para aislar e identificar microorganismos bacterianos que degraden dimetilfenoles.

La secuenciación de ADN y los análisis homólogos del gen ARNr 16S identificaron dos cepas; la cepa FGQ5 perteneciente a *Delftia acidovorans* y la cepa KNUC2106 perteneciente a *Stenotrophomonas maltophilia*.

Ambas bacterias crecieron durante cuarenta y cinco días en cultivos líquidos con una mezcla de 3 isómeros de dimetilfenol (2,6-DMP, 3,4-DMP, 3,5-DMP), a una concentración de 50 mg/l, para adaptarlas a este medio como única fuente de carbono y posteriormente se inocularon, respectivamente, durante dos semanas en cada uno de los diferentes isómeros de dimetilfenol a una concentración de 70 mg/L.

Resultados: Los valores experimentales indicaron que en la cepa FGQ5 se producía degradación de los isómeros 2,3-DMP y 3,4-DMP, mientras que no hubo valores positivos en el resto de isómeros en la fecha a la cuál fue tomada la última muestra. Por su parte la cepa KNUC2106 no mostró valores tangenciales que demostraran degradación de los diferentes dimetilfenoles, a fecha de la última muestra tomada.

Conclusiones: Aunque la cepa KNUC2106 no mostrara valores positivos, presentaba un principio de cambio en cuanto a color y turbidez para los cultivos líquidos con isómeros 2,3-DMP y 3,4-DMP, respectivamente, que dejaba entrever la necesidad de más tiempo para que esta cepa bacteriana iniciara la degradación. Por otro lado la cepa FGQ5 degradó para los isómeros 2,3-DMP y 3,4-DMP pero se debe esperar más tiempo para comprobar si hay degradación en los restantes isómeros. En cuanto a futuros objetivos se debe realizar el mismo estudio a diferentes concentraciones de cada isómero de dimetilfenol para conocer la dosis máxima y mínima a las que pueden degradar ambas cepas bacterianas y por último amplificar el gen de la enzima catecol 2,3-dioxigenasa para comprobar su presencia como intermediadora en la degradación de dimetilfenoles.

1. BIBLIOGRAFIA

- Wei G, Yu J, Zhu Y, Chen W, Wang L. Characterization of phenol degradation by *Rhizobium* sp. CCNWTB 701 isolated from *Astragalus chrysopteru* in mining tailing region. *J Hazard Mater* 2008;151(1):111-117.
- Whiteley AS, Bailey MJ. Bacterial community structure and physiological state within an industrial phenol bioremediation system. *Appl Environ Microbiol* 2000 Jun;66(6):2400-2407.
- Kotturi G, Robinson CW, Inniss WE. Phenol degradation by a psychrotrophic strain of *Pseudomonas putida*. *Appl Microbiol Biotechnol* 1991;34(4):539-543.