

Evolución y análisis filogenético de las comunidades microbianas desarrolladas como respuesta al aumento de los niveles de fenantreno en un suelo contaminado por PAHs

Sopeña, F., Laiz, L., Morillo, E. y Saiz-Jiménez, C.

Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Sevilla. Consejo Superior de Investigaciones Científicas. Avda. Reina Mercedes, 10. 41012 Sevilla.

Las comunidades microbianas de los suelos contaminados con hidrocarburos aromáticos policíclicos (PAHs) presentan gran biodiversidad. Esta biodiversidad puede relacionarse con la respuesta a niveles elevados de PAHs. En este trabajo se presenta el estudio y la caracterización de las comunidades microbianas de un suelo contaminado principalmente con hidrocarburos aromáticos policíclicos (SLO), mediante técnicas basadas en ADN y técnicas de cultivo. Se ha estudiado la evolución de las comunidades como respuesta al aumento de la concentración de fenantreno.

Los resultados correspondientes a la secuenciación del gen que codifica para el ARN ribosómico 16S (16S ARNr) pusieron de manifiesto la gran diversidad microbiana del suelo SLO. Las comunidades microbianas de este suelo están compuestas por microorganismos pertenecientes a las clases *Actinobacteria* (2,5% de las secuencias analizadas) y *Proteobacteria* (97,5% de las secuencias). Estas últimas se distribuyeron en: *Alpha-proteobacteria*, 10,3%; *Beta-proteobacteria*, 20,5% y *Gamma-proteobacteria*, 66,7%. Por otra parte, las técnicas de cultivo posibilitaron el aislamiento de cepas pertenecientes a los grupos detectados previamente mediante ADN, como componentes mayoritarios de este suelo: *Beta-proteobacteria* (*Achromobacter* sp.) y *Gamma-proteobacteria* (*Pseudomonas* sp.; *Stenotrophomonas* sp.).

La adaptación de los microorganismos del suelo SLO como respuesta al aumento de la concentración de fenantreno se estudió mediante DGGE (Electroforesis en Gel de Gradiente Desnaturalizante). La electroforesis DGGE permitió visualizar la gran capacidad de adaptación de estas comunidades microbianas. Así, mientras que en cultivos de suelo incubados a 30 °C, el patrón de bandas de la comunidad microbiana permaneció casi constante durante 45 días, en cultivos de suelo+fenantreno, el patrón de bandas registró un cambio en la composición de la comunidad microbiana a las 72 h, indicando una mejor adaptación de determinadas especies al crecimiento con fenantreno. La identificación de estas especies se realizó en cultivos de enriquecimiento. En ellos, se han aislado cepas pertenecientes a *Microbacterium* sp. y *Acinetobacter* sp.; algunas filogenéticamente relacionadas con cepas degradadoras de clorobenceno y fenoles.

En conclusión, los microorganismos del suelo SLO son capaces, actuando en conjunto, de crecer en concentraciones de fenantreno superiores en 1000 mg/Kg a la contaminación media del suelo. Este hecho nos ha permitido obtener consorcios microbianos estables y de gran utilidad como sistema de ensayo para la degradación de contaminantes. Finalmente, los estudios para la obtención de un gran número de cepas puras, como la que se presenta en este trabajo, son interesantes en sí mismos, ya que, además de aumentar el conocimiento acerca de las especies capaces de degradar PAHs, nos podrían proporcionar nuevas especies bacterianas.