

**DIVERSIDAD GENÉTICA DE BACTERIAS DEL ORDEN Actinomycetales CON
POTENCIAL PARA LA PRODUCCIÓN DE BIODIESEL: PRIMEROS PASOS HACIA EL
USO DE FUENTES BIONENERGETICAS MÁS SALUDABLES.**

**CECILIA CORDERO ALDAY
MAGISTER EN CIENCIAS BIOMÉDICAS, MENCIÓN MICROBIOLOGÍA CLÍNICA**

RESUMEN

Los biocombustibles, y en especial el biodiesel, han surgido como una fuente energética limpia, renovable y biodegradable y una alternativa ante los altos precios del cada vez más escaso petróleo y los microorganismos acumuladores de grasas pueden ser una fuente atractiva de este tipo de combustible alternativo. Los Actinomicetos son capaces de producir biodiesel a partir de desechos orgánicos. Sin embargo, la eficiencia en la acumulación de triglicéridos (TG), depende de las condiciones ambientales donde estos microorganismos se desarrollan, por lo que es necesario realizar la prospección ambiental para seleccionar las cepas más eficientes considerando la biodiversidad de estos microorganismos. Para estimar la diversidad de microorganismos con potencial para la producción de biodiesel a partir de desechos orgánicos en la Región del Maule se muestrearon tres áreas de acumulación y procesamiento de basura. Se tomaron 90 muestras de desechos sólidos y lixiviados, y se ajustó un método "Buffer A", eficiente y reproducible de extracción de ADN que demostró ser significativamente superior al uso del kit comercial Kit (PowerSoil, MoBio Laboratories). La diversidad genética de las muestras analizadas se realizó mediante marcadores moleculares a través de la técnica PCR-RFLP o CAPS, a partir de amplicones generados con partidores específicos para la región 16S del ADNr del orden bacteriano Actinomycetales. Los amplicones se digirieron con las enzimas Alu I, Taq I, Eco RI, Sau 3AI, generando un polimorfismo promedio a nivel de especie de (50,94%). Los mayores niveles de polimorfismo se encontraron en la población Camino (89,89%) y el menor en la población el Retamo (16,85%). Los índices de diversidad genética de Nei (NeiD) y Shannon (Ho) fueron de 0.216 y 0.25, mientras que el análisis de Φ PT (0.438) demostró una alta estructuración de la biodiversidad de los actinomicetos presentes en estos vertederos. De cuatro cepas identificadas como potenciales acumuladores de grasas, se determinó mediante cromatografía en capa fina (TLC) que las cepas S1-2 Y S1-4 acumulaban TG. La identificación de estas cepas se realizó mediante secuenciación de sus regiones 16S del ADNr y comparación las bases de datos mediante NCBI.