



LIBRO DE RESÚMENES

ENAQUI ?

SÉPTIMO ENCUENTRO
NACIONAL DE QUÍMICA



3 a 5 de noviembre de 2021
Montevideo, Uruguay



Desarrollo de consorcios microbianos para la biorremediación de ambientes contaminados con hidrocarburos derivados de combustibles fósiles

Angeline Saadoun (1), Ana Karen Malán (2), Angela Cabezas (3)

1-Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; 2-Plataforma de Química Analítica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay; 3-Laboratorio de Microbiología Ambiental y Biotecnología, Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica, Durazno, Uruguay

angeline.saadoun@gmail.com

En Uruguay, el sector de transporte utiliza principalmente combustibles fósiles de países productores de petróleo. Por esta razón, se importa petróleo crudo que es refinado para obtener combustibles. Los derivados del petróleo tienen compuestos carbonados recalcitrantes de gran toxicidad ambiental. El proceso de refinado, transporte y almacenamiento de combustible genera contaminación ambiental la cual se elimina parcialmente utilizando métodos fisicoquímicos. La biorremediación utilizando microorganismos degradadores de hidrocarburos es una estrategia ambientalmente amigable y novedosa en nuestro país que puede contribuir considerablemente a la descontaminación. El presente trabajo se enfoca en desarrollar consorcios microbianos eficientes en la degradación de hidrocarburos provenientes de la gasolina. Para ello, se puso a punto una técnica de extracción orgánica para la determinación de naftaleno y TPHs (Total Petrol Hydrocarbons) por GC-MS. Luego se desarrollaron consorcios utilizando como inóculo inicial agua de una playa cercana a una refinería. Se evaluaron distintas condiciones del ensayo tales como el porcentaje de nafta agregado y la estrategia de repique. Finalmente se obtuvieron dos consorcios estables (D1 y F1) capaces de crecer en medio mínimo con nafta y consumir hidrocarburos. Para caracterizar los consorcios se realizó secuenciación masiva del gen de ARNr 16S. En el consorcio D1 predominó el género *Pseudomonas* con una abundancia relativa de 99.8 %. En el consorcio F1 se detectaron tres géneros predominantes: *Brevundimonas* (56.2 %), *Pseudomonas* (14.3 %) y *Sporocarcina* (12.8 %). Actualmente, estamos realizando análisis de metagenomas a cada consorcio para determinar las vías metabólicas presentes en cada consorcio y así comprender el funcionamiento de los mismos.