



Conferencia de la Asociación Poblana de Ciencias Microbiológicas

Características generales del género *Gluconacetobacter*

Victor Daniel Espinosa Barbosa

Licenciatura en Biología, Universidad de las Américas Puebla

Email: victor.espinosaba@udlap.mx

DOI: 10.13140/RG.2.2.28402.63687

Sesión 153

Resumen

El género *Gluconacetobacter*, está formado por aproximadamente 24 especies que pertenecen al filo Proteobacterium, orden Rhodospirillales y familia Aceobactreaceae. Este género está formado por bacterias ácido-acéticas que aeróbicamente oxidan el etanol a ácido acético. Son bacterias Gram-negativas, de tipo bacilar, que contienen flagelos peritricos, son móviles o no móviles, aerobias obligadas, oxidasas negativo, y metabólicamente usan el etanol, la glucosa y el glicerol como fuente de carbono para su crecimiento.

Dentro de sus representantes se encuentran 7 especies que realizan el proceso de fijación biológica de nitrógeno. Para al menos una de ellas, se describe la producción de fitohormonas, fundamentalmente ácido indol acético y ácido giberélico, la posibilidad de solubilizar macro y micronutrientes como fósforo y zinc en condiciones “*in vitro*”.

Como mencione brevemente, miembros de este género son capaces de la fijación biológica del nitrógeno, lo cual se traduce en una manera de separar en dos grupos a las especies de este género. El primer subgrupo sería el capaz de fijar nitrógeno, como lo mencione anteriormente, mientras que la característica principal del segundo subgrupo es la producción de celulosa. Sin embargo, debido a que el basarse únicamente en estas características puede traducirse en una identificación errónea, se debe encontrar otra manera de separar y clasificar a las especies dentro de este género, ya que miembros relacionados dentro de este grupo pueden no tener las características por las cuales se están separando, por ejemplo, la capacidad de sintetizar celulosa se pierde en varias especies del subgrupo lo cual lleva a no poder utilizar estas dos características como una manera de subdividir al género.

Para poder dividir a este género, aunque no sin debate al respecto, es a través de secuenciación de rRNA 16S, de nuevo se encontró que la mejor manera es la de separar a este género en dos partes. La división que se utilizó posteriormente al análisis de las secuencias

de rRNA 16S fueron con los sptes nombres, el primero sería el grupo *Gluconacetobacter xylinus* y por otra parte el grupo *Gluconacetobacter liquefaciens*, estos dos grupos mencionados se relacionan compartiendo una similitud del 98.1% de rRNA 16S, sin embargo no están tan estrechamente reunidos, lo cual lleva a la duda en la comunidad científica si este género debería permanecer como uno solo, sin embargo hasta el momento la clasificación está considerada como un solo género.

Utilizando a diferenciación antes mencionada, se pueden describir un conjunto de características para ambos subgrupos. En primera instancia, fisiológicamente el grupo de *Gluconacetobacter liquefaciens*, produce 2,5-diketo-D-gluconato, compuestos 4-pirona y a pigmentos café solubles en agua, mientras que los del grupo *Gluconacetobacter xylinus* no tienen estas características.

En el ambiente ecológico encontramos que el grupo the *Gluconacetobacter liquefaciens* es aislado mayormente en flores, frutas, caña de azúcar y café entre otros volviéndolo un grupo asociado a las plantas, mientras que el segundo grupo *Gluconacetobacter xylinus* no esta tan asociado a las plantas y más bien está asociada a las comidas fermentados como el vinagre, nata de coco, bebidas de té entre otros.

En cuanto a los usos de este género, estos se encuentran bastante diversificados. Se han utilizado como un medio de estimulación para el crecimiento de los cultivos, volviéndolo una importante línea en el campo de la biofertilizacion. Además de que la celulosa bacterial producida por *Gluconactobacter* tiene propiedades únicas incluyendo una gran fuerza mecánica, así como alta cristalinidad, almacenamiento de agua y una super fina y pura estructura de fibra, lo cual vuelve a este género de gran utilidad en campos de biomedicina, en la industria de la comida y en la industria textil entre otros. Como dato curioso, el productor de celulosa más eficiente es *Gluconacetobacter xylinus* lo cual lo vuelve un organismo modelo para el estudio de las características básicas de la biosíntesis de la celulosa.

<https://sites.google.com/view/apcmac/conferencias-y-m%C3%B3dulos-2021#h.8xm6uymwkwfqq>

Referencias

1. Cleenwerck, I. De Vos, P. De Vuyst, L. (2010), Phylogeny and differentiation of species of the genus *Gluconacetobacter* and related taxa based on multilocus sequence analyses of housekeeping genes and reclassification of *Acetobacter xylinus* subsp. *sacrofermentans* as *Gluconacetobacter sacrofermentans* (Toyosaki et al. 1996) sp. nov., comb. Nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 60, 2277–2283
2. Hungund, B. Gupta, S. (2010) Improved Production of Bacterial Cellulose From *Gluconacetobacter persimmonis* GH-2. Journal of Microbial & Biochemical Technology. Vol.2 Issue 5
3. Ríos, Y. Dibut, B. Ortega, M. Fey, L. Rodríguez, J. Martínez, R. Tejada, G. Arozarena, N. Lino, A. Cañizares, K. Soca, U. Mesa, E. (2010) AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN DE CEPAS PERTENECIENTES AL GÉNERO *GLUCONACETOBACTER*. Instituto de Investigaciones Fundamentales Agricultura Tropical “Alejandro de Humboldt”, INIFAT, Cuba.
4. Roa, J. (2017) Caracterización bioquímica y molecular de bacterias fijadoras de nitrógeno aisladas de caña de azúcar. Universidad Nacional de Colombia Facultad de Ciencias Agropecuarias Palmira, Colombia
5. Sievers, M., & Swings, J. (2015). *Gluconacetobacter*. Bergey’s Manual of Systematics of Archaea and Bacteria, 1–11. doi:10.1002/9781118960608.gbm00883
6. Yamada, Y., Yukphan, P., Vu, H. T. L., Muramatsu, Y., Ochaikul, D., & Nakagawa, Y. (2011). Subdivision of the genus *Gluconacetobacter* Yamada, Hoshino and Ishikawa 1998: the proposal of *Komagatabacter* gen. nov., for strains accommodated to the *Gluconacetobacter xylinus* group in the α -Proteobacteria. Annals of Microbiology, 62(2), 849–859. doi:10.1007/s13213-011-0288-4