



ANÁLISIS DE LA MICROBIOTA TAPONANTE EN MEMBRANAS DE ULTRAFILTRACIÓN ACOPLADAS A UN REACTOR ANAEROBIO TIPO UASB.

Kadiya Calderón¹, Rosa Krajmalnik² y Adalberto Noyola¹. ¹Grupo de Investigación en Procesos Anaerobios, Instituto de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de México. Apartado Postal 70-472; 04510, Ciudad Universitaria, Coyoacan, México, D.F, México. Fax. (+52) 55- 5616-21-64. ²Laboratorio de Biotecnología Ambiental, Universidad Estatal de Arizona USA. E-mail: kcalderona@iingen.unam.mx
Palabras clave: BRAM, biofouling, QPCR

Introducción. Los biorreactores anaerobios de membrana (BRAM) ofrecen una buena alternativa para el tratamiento del agua residual. Un fenómeno inevitable y difícil de controlar en el proceso es el taponamiento de membranas o *biofouling*, que se explica como la acumulación de material orgánico, inorgánico y la adhesión de sustancias poliméricas extracelulares (SPE) (1). Este fenómeno es el causante de problemas técnicos considerables en los sistemas y pérdidas económicas (2). Una de las prioridades actuales en la investigación de este campo es comprender el fenómeno para lograr controlarlo (3). En ese sentido, el objetivo de este trabajo es analizar la microbiota involucrada en la digestión anaerobia asociada al material taponante mediante técnicas moleculares.

Metodología. Se estudiaron 4 lotes de membranas de UF que trataron influentes distintos. I y II son membranas nuevas alimentadas durante 8 h de operación con efluente UASB y agua residual cruda respectivamente. III corresponde a membranas alimentadas con efluente UASB durante 2400 h de operación y IV fue el mismo tipo de membrana extemporáneamente sometido a proceso de lavado con HClO 300 ppm. A las muestras se les realizó extracción de ADN y amplificación de 16S rRNA por PCR-TGGE-análisis filogenético para *Bacteria* y para *Archaea* por PCR en tiempo real (QPCR) (4).

Resultados y discusión. En los resultados obtenidos del análisis filogenético de la región hipervariable V3 del 16S rRNA de *Bacteria* se observó que el 41% de la población corresponde a ϵ - Proteobacteria seguido de *Firmicutes*, β , α y γ -Proteobacteria. La mayoría de la microbiota identificada se refiere a microorganismos con gran capacidad para secretar SPE. El análisis informático de QPCR del dominio *Archaea* (Fig. 1) mostró que el tratamiento IV no fue posible cuantificarlo, posiblemente por efecto del lavado. Para los otros tres tratamientos se observó que la población dominante es *Methanosaetaceae* (MSt), la cual afectaría directamente en el taponamiento y se incrementa con el tratamiento anaerobio como puede observarse en la muestra I vs II. El tratamiento III corresponde a dos fragmentos de la

misma membrana (inicio III y medio III') observándose diferencias en la microbiota analizada.

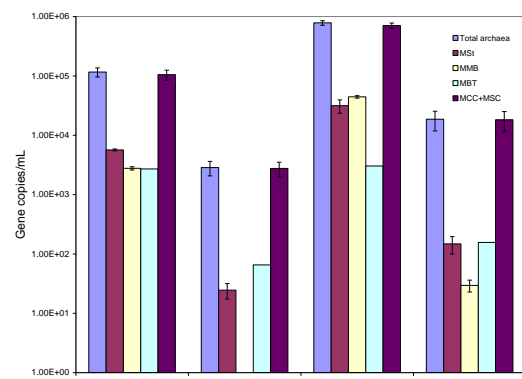


Fig. 1 Balance de los resultados obtenidos mediante PCR en tiempo real.

En la muestra III' se observó que el grupo de *Methanomicrobiales* (MMB) contribuyó notablemente en el taponamiento a diferencia de los demás tratamientos.

Conclusiones. La mayoría de las bacterias taponantes corresponden al grupo ϵ - Proteobacteria con gran capacidad de secretar SPE y degradación de compuestos recalcitrantes. El taponamiento es causado primordialmente por el grupo *Methanosaetaceae* proveniente de la cama de lodos del biorreactor UASB. La distribución de los microorganismos taponantes varía a lo largo de la membrana.

Bibliografía. 1. Sombatsompop, K, Visvanathan, C.(2006) Evaluation of biofouling phenomenon in suspended and attached growth membrane bioreactor systems. *Des.* 201:138-149.

2. Miura, Y, Watanabe, Y, Okabe, S.(2007) Membrane biofouling in pilot-scale membrane bioreactors (MBR's). Treating municipal wastewater: impact of biofilm formation. *Env. Sc. and Tech.* 41(2): 632-638

3. Ivnitsky, H, Katz, I, Minz, D, Shimoni, E, Chen, Y, Trachitzky, J, Semiat, R, Dosoretz, CG.(2005). Characterization of membrane biofouling in nanofiltration processes of wastewater treatment. *Des.* 185:255-268

4. Yu, Y, Lee, C, Kim, J, Hwang, S. (2005). Group-specific primer and probe sets to detect methanogenic communities using quantitative real-time polymerase chain reaction. *Biotech. and Bioeng.*89(6):670-679.