



Poblaciones microbianas en la digestión anaerobia en dos etapas de la fracción orgánica de los residuos sólidos.

Reyna. Isabel Rodríguez^{1,3}, Yovany Cuetero¹, Suyen Rodríguez², Oscar Monroy¹ y Florina Ramírez¹,

¹ Departamento de Biotecnología, Universidad Autónoma Metropolitana, Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina, 09340 Iztapalapa, D.F, MÉXICO Tel. (52 55) 58044723. e-mail: isabelropi@hotmail.com

² Departamento de Química, Universidad de Oriente, Patricio Lumumba s/n, C.P. 223.0.06824, Santiago de Cuba.

³ División de Tecnología Ambiental, Universidad Tecnológica de Nezahualcóyotl, Circuito universidad tecnológicas/N Col. Benito Juárez, Cd. Nezahualcóyotl, Edo. México.

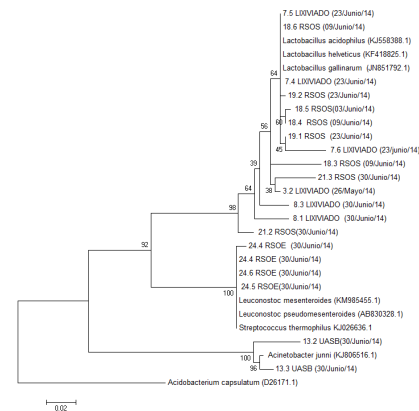
Digestión anaerobia, población microbiana, FORSU, dos etapas, bacterias.

Introducción. La digestión anaerobia en dos fases es eficaz cuando se tratan residuos con alta carga orgánica [1]. La separación en dos fases de la digestión anaerobia de la fracción orgánica de residuos sólidos urbanos (FORSU) se compone de dos reactores separados, uno para las etapas hidrólisis/acidogénesis y otro para la metanogénesis. Esta separación física hace posible operar cada uno de los reactores bajo las mejores condiciones para cada uno de los grupos microbianos involucrados [2]. Lu y col. (2009) [3] encontraron divergencia en la comunidad microbiana y metabolitos en reactores discontinuos anaeróbicos debido al efecto de pH. El objetivo de este trabajo es determinar las poblaciones microbianas en cada uno de los reactores utilizados.

Metodología. La FORSU se alimenta al reactor continuo anaerobio cama de lixiviación hidrólisis (RHALE) en W_0 ($g VS d^{-1}$) y los sólidos digeridos se retirada en W_1 . La masa en fermentación A se rocía con el efluente de un reactor de tratamiento de lixiviados UASB (F_L , S_L) con agua residual municipal (F_W , S_W) a una velocidad de flujo (FL) dado por una tasa de dilución de $0.025 L / L A d$. La mezcla de MWW y lixiviados se alimenta al reactor (F_{U_0} , S_{U_0}) que se convierte en metano (QCH_4) y un efluente (F_U , S_U). En algunos corridas experimentales parte del lixiviado se recicló ($R * FL$) a la RHALE (figura 1). Se tomo una muestra de W_0 , W_1 , F_L y F_m y se realizó la extracción de ADN utilizando un kit comercial para la extracción de ADN. Las reacciones de PCR se realizaron en un termociclador usando HotStar Taq Master Mix (QIAGEN) kit comercial. Las Bacterias (V6-V8) obtenidos anteriormente se analizaron mediante geles de DGGE utilizando 6% en una cámara de electroforesis de poliacrilamida para la detección de mutaciones. Las bandas de gel representativas fueron reamplificadas y secuenciadas.

Resultados. La figura 2 muestra la distribución de las comunidades bacterianas en donde se observa que las bacterias que predominan son principalmente *Lactobacillus acidophilus*, esto debido a los bajos valores

de pH, resultados similares a los reportados por Xu y col. 2011 [4]. Lü y col. (2009) reportaron que las bacterias del ácido láctico dominan bajo pH ácidos (5.0).



Distribución de las comunidades bacterianas y relación

Conclusiones. Debido a los pH bajos durante filogenética la fermentación de la FORSU y lixiviado predominan *Lactobacillus* y debido al amortiguamiento en el UASB las bacterias que predominan son *Acinetobacter junii*.

Bibliografía.

1. Bouallagui, H., Touhami, Y., Ben Cheikh, R., Hamdia, M., 2005. *Process Biochemical* (40), 989–995.
2. Cirne, D., Lehtomäki, A., Björnsson, L., Blackall, L., 2007. *J. App. Microbiology* (103), 516–527.
3. Lü, F., Shao, L.M., Bru, V., Godon, J.J., He, P.J., 2009. *J. Appl. Microbiol.* 106 (2), 580–591.
4. Xu S. Y., Lam H. P., Karthikeyan P.O., Wong J. W., 2011 *Biore. Techn.* 102, 3702–3708