

DETERMINACIÓN DE LA ACTIVIDAD METANOGÉNICA ESPECÍFICA PARA CONDICIONES DE MULTISUSTRATOS

Ana Maria Borjas Rubio, Sergio Esteban Viguera Carmona, Mayola García Rivero, María Aurora Martínez Trujillo. Tecnológico Nacional de México/Tecnológico de Estudios Superiores de Ecatepec, División de Ingeniería Bioquímica, México, 55210, ana-br99@outlook.com

Palabras clave: Cinética de Monod, Multisustratos, Metanogénesis.

Introducción.

La ecuación de Monod se usa ampliamente para describir el crecimiento celular en condiciones limitantes de un solo nutriente. Su atractivo se basa en su simplicidad y ajuste razonable de los datos experimentales. La ecuación depende solo de dos parámetros que representan la tasa de crecimiento específica máxima (μ_{max}) y la constante de semisaturación (K_s). Estos parámetros se utilizan comúnmente para la interpretación de mecanismos cinéticos a partir de datos experimentales, por lo que se han propuesto muchas extensiones a la ecuación de Monod en las últimas décadas, en su mayoría a partir de motivos heurísticos.

La cinética de crecimiento microbiano con múltiples sustratos en sistemas reales implica una genética celular y mecanismos de transporte complejos. Sin embargo, la derivación de modelos para ajustar datos experimentales requiere simplificaciones inevitables. La derivación matemática reportada por Meraz (1) partió de la utilización paralela de cada sustrato. Cuando la generación de nuevas unidades microbianas es el paso limitante en el esquema cinético los procesos bioquímica que suceden pueden reducirse a la siguiente ecuación de Monod multisustrato:

$$\mu_T = \mu_i \quad Ec. 1$$

En donde:

$$\mu_i = \frac{\mu_{max,i} \frac{S_i}{K_{S,i}}}{1 + \sum_{j=1}^N \frac{S_j}{K_{S,j}}}$$

La Ec.1 describe la contribución individual del i-ésimo sustrato al crecimiento celular. En general, podemos sugerir que la ecuación de Monod multisustratos puede aceptarse como un modelo que puede describir los procesos bioquímicos internos que dependen de la formación de nuevas células microbianas.

En este trabajo se propone utilizar el modelo de Monod multisustratos para evaluar la velocidad de biodegradación de diversos sustratos utilizando un consorcio microbiano anaerobio. Se utiliza la actividad metanogénica específica (AME) como parámetro de velocidad de producción de metano para diversos sustratos.

Metodología.

La actividad metanogénica específica (AME) fue determinada según lo establecido por Shelton y Tiedje

(2). Las curvas AME en función de las concentraciones de sustrato (acetato, glucosa, sacarosa y albumina) se obtuvieron a partir de las velocidades de producción de metano y se estimaron los parámetros cinéticos para cada sustrato, $AME_{max,i}$ y $K_{s,i}$, mediante el método de mínimos cuadrados del recíproco de la AME y el recíproco de la concentración de sustrato. Posteriormente en función de la concentración de sustrato "normalizada" se determinó la AME_T para el consorcio microbiano ensayado para los cuatro sustratos ensayados.

Resultados.

La producción de metano a diferentes concentraciones iniciales para los sustratos ensayados fue determinada. Una vez calcula la AME se determinaron los valores de AME_{max} y K_s , **Tabla 1**.

Tabla 1. Parámetros cinéticos obtenidos para los sustratos empleados

Sustrato	AME_{max} (g DQO _{CH4} ·g ⁻¹ SSV·d ⁻¹)	K_s (g·L ⁻¹)	$AME_{max,i}$ (g DQO _{CH4} ·g ⁻¹ SSV·d ⁻¹)
Acetato de sodio	1.94	5.91	0.467
Glucosa	1.67	7.75	0.402
Sacarosa	2.71	14.01	0.653
Albumina de huevo	0.86	4.54	0.207

La AME_T determinada es entonces 1.73 g DQO_{CH4}·g⁻¹ SSV·d⁻¹. Este valor puede ser utilizado para simular la digestión anaerobia multisustratos de fácil degradación. El uso de este parámetro evita utilizar concentraciones de la biomasa estimadas o proyectadas que se usan más como parámetros de ajuste que de comportamiento real del proceso bioquímico.

Conclusiones.

La AME_T es un parámetro global que puede ser utilizado como parámetro cinético en los procesos en donde la medición de la densidad celular es complejo.

Agradecimiento. Al COMECyT por el financiamiento

Bibliografía.

- Meraz, M., Sanchez-Vazquez, V., & Martinez-Martinez, F., (2022). Revista Mexicana de Ingeniería Química 21(2), Bio2798.
- Shelton D. y Tiedje J. M. (1984). Applied and Environmental microbiology, 47 (4): 850-857