

EVALUACIÓN DE LA COMUNIDAD MICROBIANA DE UN BIORREACTOR HÍBRIDO PARA EL TRATAMIENTO DE AGUA RESIDUAL PORCÍCOLA

Ma. E. Ochoa-Hernández¹, Andrea Reynoso-Varela², Denisse Serrano-Palacios², Kadiya Calderón¹

¹Universidad de Sonora, Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas de la Universidad de Sonora, Hermosillo, Sonora, CP 83000, ²Departamento de Ciencias del Agua y Medio Ambiente, Instituto Tecnológico de Sonora, 5 de febrero 818 Sur. Ciudad Obregón, Sonora CP.85000, México, kadiya.calderon@unison.mx

Palabras clave: sistema híbrido, comunidad microbiana, agua residual porcícola

Introducción. Debido a las elevadas concentraciones de contaminantes que posee el agua residual porcícola, ésta debe ser tratada previo a su disposición [1]. Un solo tratamiento biológico convencional suele ser insuficiente por lo que la combinación de tecnología anaerobia y aerobia en un solo sistema híbrido hace posible obtener agua tratada de mejor calidad [2]. Dado que el desempeño y el éxito del sistema híbrido dependen de la comunidad microbiana presente [3]. El objetivo de este trabajo fue evaluar la comunidad microbiana total y metabólicamente activa de un sistema híbrido para el tratamiento de agua residual porcícola.

Metodología. Se utilizó un sistema híbrido a escala laboratorio de 2.5L que combinaba en la primera etapa la tecnología de un reactor UASB y en la segunda etapa un reactor aeróbico de lecho empacado. La secuenciación de genes ARNr 16S parcial se realizó utilizando Illumina a partir de ADN y ADNc extraídos de muestras de las etapas anaerobia y aerobia del sistema híbrido, así como de un biorreactor UASB operado en paralelo, ambos alimentados con el mismo afluente de aguas residuales porcícolas, y del influente. Se evaluaron la α y β diversidad de las comunidades microbianas y las funciones metagenómicas principales mediante la predicción del perfil taxonómico funcional por PICRUST.

Resultados. Las poblaciones predominantes encontradas en todas las muestras correspondieron a los filos Proteobacteria y Firmicutes, y al género arqueal Methanosaeta. Se encontraron diferencias entre la abundancia relativa de algunos géneros entre las muestras de ADN y ADNc, lo que indicó un aumento de la diversidad en la comunidad metabólicamente activa. El análisis de la beta diversidad reveló que la estructura de la comunidad microbiana fue significativamente diferente entre las muestras ($p < 0,05$); además, las bacterias nitrificantes fueron más abundantes en el biorreactor híbrido. Finalmente, las funciones metagenómicas, como las principales

vías metabólicas, incluida la biosíntesis de aminoácidos y antibióticos, se encontraron mediante la predicción del perfil taxonómico. El biorreactor híbrido anaeróbico-aeróbico presentó una mejor tasa de remoción de amoníaco, que fue del 99% en comparación con el sistema UASB convencional; sin embargo, la eliminación total de nitrógeno no fue posible alcanzarla.

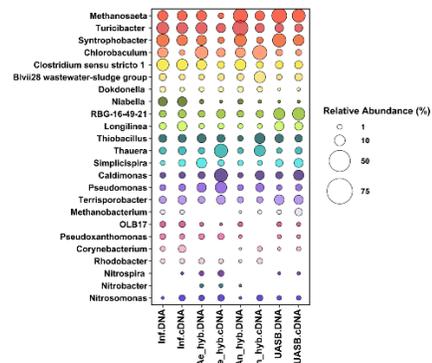


Fig 1. Abundancia relativa de los 20 principales géneros encontrados en la microbiota asociada al estudio

Conclusiones. Las estructuras de las cuatro comunidades microbianas caracterizadas en el estudio fueron estadísticamente diferentes entre sí dado los diferentes inóculos y el entorno anaerobio-aerobio en el que se desarrollaron. La presencia de bacterias nitrificantes en el biorreactor híbrido indicó que al acoplar la sección aeróbica empacada a un sistema UASB mejora la remoción de especies nitrogenadas, reportando procesos simultáneos de nitrificación-desnitrificación.

Agradecimiento. CONACyT A1-S-43472, CVU 1076858) y CVU 928977 por la beca recibida.

Bibliografía.

- Giraldi-Díaz, M.R., Castillo-González, E., Medina-Salas et al., 2021. *Sustain. Sci.* 13(20), 11248.
- Ali, M., Elreedy, A., Ibrahim, M.G., et al., 2019. *Energy Convers Manag.* 186, 1-14.
- Zhang, L., Shen, Z., Fang, W., Gao, G., 2019. *Sci. Total Environ.* 689, 1181-1191.