

BACTERIAS POTENCIALMENTE PATÓGENAS EN PTAR DE LA CDMX

Yovany Cuetero Martínez, Daniel de los Cobos Vasconcelos, Adalberto Noyola Robles
Subdirección de Hidráulica y Ambiental del Instituto de Ingeniería, Universidad Nacional Autónoma de México. Ciudad Universitaria, Coyoacán, CDMX. C.P. 04510 YCueteroM@iingen.unam.mx

Palabras clave: aguas residuales, PacBio® Sequel II, gen 16S RNA.

Introducción. En la actualidad, la eficacia de las plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR) es regida por parámetros convencionales que, entre otros, establecen límites para coliformes fecales, *Salmonella spp* y huevos de helmintos. Sin embargo, no son considerados otros contaminantes emergentes como las bacterias potencialmente patógenas para el humano (BPH) que pueden sobrevivir en las aguas tratadas a reusar¹.

El objetivo de esta investigación fue conocer la remoción y persistencia de BPH en las diversas PTAR de la CDMX.

Metodología. Se realizaron dos campañas de muestreo (temporada de lluvias y estiaje) en cuatro PTAR municipales de la Ciudad de México (fig. 1), que representaban cinco procesos de tratamiento biológico diferentes: lodos activados convencionales en CE, lodos activados de aireación extendida en SF, biorreactor de membrana en CH, digestión anaerobia seguido humedal construido en ED. Estos fueron seguidos de procesos de desinfección con luz ultravioleta en CH o cloración en CE y SF.

Se caracterizaron las comunidades bacterianas en diferentes puntos de la PTAR (fig. 1) mediante secuenciación del gen 16S rRNA completo con PacBio® Sequel II y análisis bioinformáticos².

Resultados. Análisis de componentes principales (PCA) muestran que los cambios en las comunidades bacterianas se deben más al punto de muestreo que a la temporada (Fig 1). Generalmente, los influentes fueron similares entre sí y difirieron de las demás muestras; particularmente, *Arcobacter* fue el género bacteriano dominante en influentes con abundancias relativas del 62 al 86 %. Los influentes contenían BPH como *Acinetobacter johnsonii*, *Acinetobacter junii*, *Aeromonas caviae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas veronii*, *A. butzleri*, *A. cryaerophilus*, *Laribacter hongkongensis* y *Moraxella osloensis*.

En ED, los influentes y los efluentes intermedios congregaron en un mismo grupo, debido posiblemente a que el sistema de digestión anaerobia en ED no generó condiciones que resultaran en cambios en la composición bacteriana³ cómo si lo hicieron los sistemas de las otras PTAR. Además, en éstas se observó una gran similitud entre las composiciones

bacterianas en lodos secundarios, efluente tratado biológicamente y efluentes finales. Esto debido a que las bacterias involucradas en los tratamientos biológicos son transportadas en efluentes finales y se acumulan en lodos residuales¹. Lo anterior tiene como consecuencia que algunas BPH de importancia médica⁴ y ambiental como *A. johnsonii*, *A. junii*, *A. caviae*, *A. hydrophila*, *A. veronii*, *A. butzleri*, *A. cryaerophilus*, *M. osloensis*, *Chryseobacterium indologenes*, *Hafnia paralvei*, *Pseudomonas putida* y *Vibrio cholerae* persistan o sean enriquecidas a través de los procesos de tratamiento y sean así detectadas en efluentes finales y lodos residuales^{1,3}.

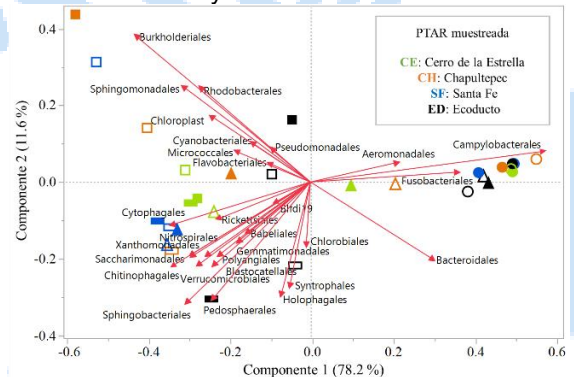


Fig. 1. PCA de las comunidades bacterianas de las PTAR en la categoría taxonómica de orden. Influente (○●); efluentes intermedios (△▲), efluentes finales (□■) y lodos secundarios (◇◊) para las estaciones de lluvia (○△□◇) y estiaje (●▲■◊). PCA basado en covarianzas.

Conclusiones. BPH de importancia médica y ambiental no contemplados en las normativas pueden resistir las condiciones en los tratamientos de aguas residuales. Se requieren estudios que demuestren su viabilidad y patogenicidad.

Agradecimiento. A Conacyt por la beca de doctorado de YCM. A SECTEI por el financiamiento del proyecto 265/2019, A Félix Aguirre Garrido, Yolanda López Vidal y Margarita E. Cisneros Ortiz por la asistencia técnica.

Bibliografía.

1. Cuetero-Martínez, Y., Cobos-Vasconcelos, D. de los, Aguirre-Garrido, J. F., Lopez-Vidal, Y. & Noyola (2023). Curr. Med. Chem. 29, 5–29.
2. Caporaso, J. G. et al (2010). Nat Methods. 7, 335–336.
3. Lira, F., Vaz-Moreira, I., Tamames, J., Manaia, C. M. & Martínez, J. L (2020). Sci. Rep. 10, 1–9.
4. PUCRA. Estado Actual de la Resistencia Antimicrobiana México 2018. (2019).