

# Comunidades microbianas presentes en reactores anaerobios a escala real: un abordaje multidisciplinar en el tratamiento de efluente lácteo y vinasa

Cecilia Callejas<sup>1</sup>, Liliana Borzacconi<sup>1</sup>, Iván López<sup>1</sup>, Patricia Bovio<sup>2</sup> y Claudia Etchebehere<sup>2</sup>

1-BIOPROA, IIQ, Facultad de Ingeniería, Universidad de la Republica, Montevideo, Uruguay;

2- Grupo de Ecología Microbiana, BIOGEM, IIBCE, Montevideo, Uruguay

[ceciliac@fing.edu.uy](mailto:ceciliac@fing.edu.uy)

La digestión anaerobia (DA) es una biotecnología que tiene por objetivo la degradación de materia orgánica y la producción de metano. El proceso es llevado a cabo por un consorcio de microorganismos anaerobios. La DA ha tenido un gran impacto en el tratamiento de aguas residuales con alto contenido en materia orgánica y residuos urbanos, ya que además de tratar el efluente se obtiene energía. En nuestro país se está aplicando esta tecnología en algunas industrias dentro del sector lácteo y de bebidas, entre otros. Si bien la DA es una tecnología consolidada y con gran aplicación, aún se conoce poco la microbiología de estos sistemas en escala real y en particular hay muy pocos estudios de la microbiología de reactores durante su período de arranque. Aprovechando la instalación y puesta en marcha de dos reactores anaerobios en industrias de nuestro país surge este trabajo, en el cual se planteó conocer la dinámica de las comunidades microbianas presentes en dos reactores UASB a escala real durante el período de “arranque”. Uno de ellos trató vinaza, generada en la producción de bioetanol a partir de caña de azúcar y el otro efluente lácteo, rico en grasas. Se estudió la comunidad microbiana en muestras de biomasa colectadas durante aproximadamente un año. Se realizaron análisis fisicoquímicos y se analizó la comunidad microbiana por secuenciación masiva el gen del *ARNr de 16S* procarionta. Para estudiar la evolución de la población metanogénica se realizaron actividades metanogénicas y se cuantificó por PCR cuantitativo el gen del *ARNr de 16S* de arqueas y el gen *mcrA*, un gen funcional marcador de la metanogénesis. Los resultados muestran que en términos generales el efecto del tipo de efluente sobre la selección de los grupos de microorganismos -que luego se volvieron dominantes- fue el fenómeno más evidente. En lo que respecta a los consorcios bacterianos, en ambos reactores dominaron los mismos filos, aunque en distintas proporciones. Por otra parte, la detención de la alimentación del reactor de vinaza durante dos períodos de aproximadamente cinco meses no afectó a la comunidad microbiana que permaneció en un estado de latencia. Por otra parte, se determinaron los grupos de metanogénicos predominantes en dos reactores UASB a escala real de la industria láctea, uno de los cuales se encontraba durante su etapa de arranque y el otro durante su 8vo año de operación estable. Se colectaron muestras de biomasa durante aproximadamente un año y se cuantificaron los diferentes grupos de metanogénicos mediante PCR cuantitativo utilizando *primers* y sondas específicos para el gen del *ARNr de 16S* de los diferentes grupos. Además se realizaron ensayos de actividad metanogénica a partir de acetato y a partir de H<sub>2</sub> y CO<sub>2</sub>. Los resultados moleculares mostraron que las arqueas hidrogenotróficas fueron las dominantes. Estos resultados concordaron con los resultados de las actividades metanogénicas que mostraron una mayor actividad hidrogenotrófica. Finalmente, los hallazgos de este trabajo fueron fruto del estudio integrando de la Ingeniería y la Microbiología, aplicado a los reactores.