

Cuantificación de bacterias no cultivables del filo Chloroflexota en sistemas de tratamiento de aguas residuales mediante qPCR

Gerardo Viera (1), Mariana Perroud (2), Luciana Varela (2), Patricia Bovio (1), Angela Cabezas (2), Claudia Etchebehere (1)

- (1) Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable.
- (2) Laboratorio de Microbiología Ambiental y Biotecnología (LabMAB), Instituto Tecnológico Regional Centro Sur (ITRCS), Universidad Tecnológica (UTEC).
ggabrielviera@gmail.com

Las bacterias del filo Chloroflexota forman parte del microbioma de los sistemas de tratamiento de aguas residuales, se caracterizan por ser filamentosas y poseer un metabolismo hidrolítico y fermentativo. A pesar de su importancia en estos sistemas, su aislamiento ha sido desafiante, lo que ha limitado la comprensión de su función. Se ha especulado que su dificultad de aislamiento se debe a su lento ritmo de crecimiento, aunque esta hipótesis aún no se ha demostrado. Estos microorganismos son importantes para la formación de flóculos, agregados de microorganismos que ayudan a sedimentar la biomasa en el sedimentador externo. Sin embargo, el sobrecrecimiento de estos microorganismos filamentosos causa problemas de flotación de los lodos y pérdida de la biomasa. Esto produce que la planta de tratamiento deje de funcionar causando problemas ambientales y pérdidas económicas. Por lo tanto, es fundamental cuantificar estos microorganismos para poder predecir y evitar estos problemas. El objetivo de este trabajo fue cuantificar el crecimiento de estos microorganismos sin aislarlos. Para ello se aplicó una técnica de qPCR utilizando primers específicos para el gen del ARNr de 16S de este filo.

Se realizó el muestreo de 9 plantas de lodos activados instaladas para el tratamiento de aguas residuales de diferentes industrias de Uruguay (frigorífico, cervecera, mermeladas, vitivinícola y celulosa) y tratamiento de aguas residuales urbanas. Se extrajo el ADN y se determinó el número de copias de Chloroflexota por qPCR utilizando primers específicos. Los resultados mostraron una abundancia que varió entre $6,87E+02$ copias/ng de ADN y $7,00E+04$ copias/ng de ADN, que las plantas de tratamiento de la industria cervecera tienen una mayor proporción de bacterias del filo Chloroflexota que las plantas relacionadas al tratamiento de efluente vitivinícola.