

## **Bacterias filamentosas en sistemas de lodos activados de Uruguay**

Mariana Perroud<sup>3</sup>, Luciana Varela<sup>1</sup>, René Cardeña<sup>1,2</sup>, Gerardo Viera<sup>4</sup>, Patricia Bovio, Claudia Etchebehere, Angela Cabezas<sup>1,2\*</sup>

1 Departamento de Sostenibilidad Ambiental, ITRCS, UTEC.

2 Grupo de Investigación Estratégico en Gestión Sostenible de Agua y Suelo.

3 Departamento de Agroalimentos, ITRSO, UTEC

4 Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, IIBCE

\*e-mail: [angela.cabezas@utec.edu.uy](mailto:angela.cabezas@utec.edu.uy)

En Uruguay y en el mundo la mayoría de los efluentes agroindustriales y urbanos son tratados en sistemas de lodos activados (SLA). Estos sistemas logran disminuir la materia orgánica presente en los efluentes mediante la actividad de bacterias aerobias las cuales la oxidan completamente a CO<sub>2</sub> como parte de su metabolismo. Los SLA cuentan por lo tanto con una unidad aireada donde la materia orgánica es oxidada y un sedimentador donde ocurre la separación de las bacterias (biomasa o lodo) del efluente tratado. Para lograr una sedimentación adecuada, es necesario contar con una biomasa que forme flóculos compactos. Los SLA presentan diversos problemas operativos como el bulking (falta de sedimentación) y la formación de espumas. Estos fenómenos ocurren por un desbalance de poblaciones en particular el sobre-crecimiento de bacterias filamentosas. Este sobre-crecimiento genera un esponjamiento de los flóculos los cuales pierden su compactación y la biomasa no sedimenta, generando un efluente que no cumple con la normativa de vertido. El primer paso para poder resolver este problema es identificar las bacterias filamentosas y conocer su potencial metabólico.

En el presente trabajo estudiamos la diversidad microbiana en sistemas de lodos activados de Uruguay, tanto domésticos como industriales con foco en identificar las bacterias filamentosas presentes. Realizamos un muestreo a 11 plantas de lodos activados, 4 urbanas y 7 industriales (62 muestras en total) y analizamos la calidad del flóculo por microscopía y la sedimentabilidad en cono Imhoff. La diversidad de la comunidad microbiana se determinó por secuenciación masiva del gen de ARNr 16S y, además, se realizó ensamblado de genomas a partir de metagenomas para conocer el potencial metabolismo de las bacterias predominantes en tres plantas industriales.

Ocho de las plantas analizadas presentaron problemas de sedimentación y se detectaron problemas de formación de los flóculos y abundancia de bacterias filamentosas. Las comunidades microbianas de cada SLA son específicas. Las bacterias filamentosas que predominan pertenecen a la clase Alphaproteobacteria y al filo Chloroflexota. Sin embargo, cada planta presenta bacterias filamentosas diferentes y en general no se comparten los mismos géneros entre diferentes plantas de tratamiento de efluentes. Esto complejiza el tratamiento del bulking filamentoso debido a que es necesario desarrollar tratamientos específicos para cada planta. Actualmente estamos analizando los datos metagenómicos para comprender mejor el metabolismo de las bacterias filamentosas y encontrar explicaciones a su sobre-crecimiento.