

## 1º Encuentro de Investigadoras/es de UTEC.

### **Diversidad microbiana en sistemas de lodos activados del Uruguay: ¿Que bacterias filamentosas relacionadas a eventos de bulking están presentes?**

Perroud, M. \*, Varela, L. \*, Cardeña R. \*, Bovio-Winkler, P. \*\*, Etchebehere C. \*\*, and Cabezas, A.\*

\*Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica, Francisco Antonio Maciel S/N, CP: 97000 Durazno, Uruguay

\*\*Microbial Ecology Laboratory, Department of Microbial Biochemistry and Genomic, Biological Research Institute "Clemente Estable", Avenida Italia 3318, CP: 11600 Montevideo, Uruguay

Los Sistemas de Lodos Activados (SLA) son uno de los tratamientos más utilizados para la remoción de materia orgánica y nutrientes en las plantas de tratamientos de efluentes, industriales y domésticos. La diversidad de la biomasa es alta formada por bacterias, protozoos, virus, algas, hongos y metazoos. Una característica de la biomasa es que crece formando flóculos lo cual es esencial para lograr una buena sedimentación de la misma y permite separar el efluente clarificado del lodo. Varias bacterias colaboran en la formación de estos flóculos, entre ellas, diversos grupos de bacterias filamentosas. Sin embargo, el sobre crecimiento de bacterias filamentosas provoca una desestabilización del flóculo afectando la sedimentación de la biomasa y, por ende, la calidad del efluente final (bulking filamentoso). El objetivo del presente trabajo es determinar la diversidad bacteriana en sistemas de lodos activados del Uruguay con foco en identificar las bacterias filamentosas presentes.

Para ello, se tomaron muestras de 10 SLA de diferentes industrias (dulces y mermeladas, productos lácteos, celulosa, vitivinícola, frigoríficos y residuos hospitalarios) o de tratamiento de aguas residuales domésticas (42 muestras en total). Se realizó la extracción de ADN y la secuenciación del gen de ARNr16S (Macrogen, Korea) y se analizaron los resultados con el software QIIME2 y PAST.

Las comunidades microbianas de los SLA estudiados resultó muy diversa con un promedio de 352 especies (ASVs) (Max:656; Min:170) agrupadas en el análisis multivariado nmMDS por tipo de efluente. Los filos más abundantes fueron Proteobacteria, Chloroflexi, Actinobacteriota, Planctomycetota, Firmicutes, Patescibacteria, Acidobacteriota.

La diversidad de bacterias filamentosas depende de las características del efluente. Por ejemplo, la bacteria filamentososa *Neomegalonema* sp. causante de bulking, fue detectada solamente en la planta vitivinícola. El género *Ca. Alysiosphaera*, también causante de bulking, se detectó en la planta vitivinícola y en la planta de celulosa, sin embargo, las especies son específicas para cada planta. Por lo tanto, es importante conocer la diversidad de bacterias filamentosas en cada planta y conocer las condiciones que generan su sobre crecimiento para diseñar estrategias de control.