



# CARACTERIZACIÓN MICROBIOLÓGICA DE LODOS EN UN PROCESO DE DIGESTIÓN ANAEROBIA

Seminario Técnico: Lodos, Producción y Aprovechamiento

VI Asamblea General de la Mesa  
Española de Tratamiento de Agua

meta

Ana Isabel Díaz, Adriana Laca, Paula Oulego, Sergio Collado y Mario Díaz



Universidad de Oviedo



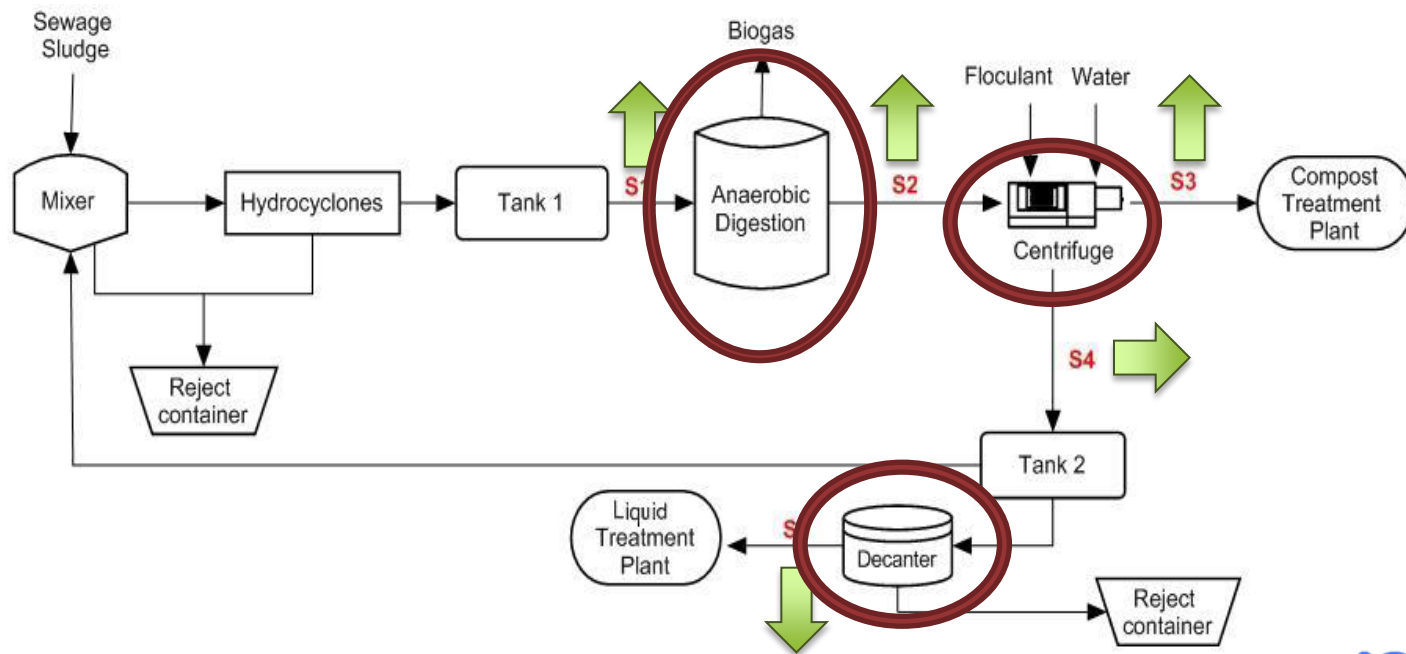
Tecnología de  
Bioprocesos y Reactores

# CARACTERIZACIÓN MICROBIOLÓGICA DE LODOS EN UN PROCESO DE DIGESTIÓN ANAEROBIA





# PLANTA DE TRATAMIENTO





# OBJETIVOS





## OBJETIVOS

- Caracterizar la microbiología presente tras el tratamiento de digestión anaerobia
- Estudiar el efecto de los procesos de centrifugación y decantación en la distribución de las comunidades microbianas





# METODOLOGÍA

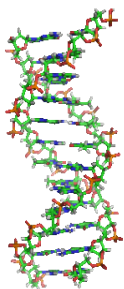




# METODOLOGÍA

1

Extracción  
del ADN



2

Amplificación del  
gen ARNr 16S



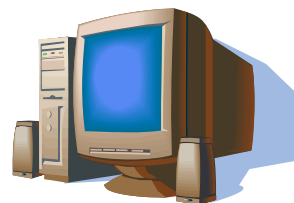
3

Secuenciación por  
Ion Torrent PGM



4

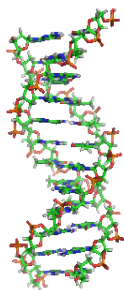
Tratamiento  
de datos



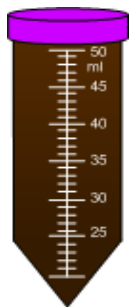
meta



# METODOLOGÍA



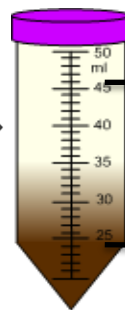
Extracción  
del ADN



Muestra inicial



Centrifugar



Líquido  
(sobrenadante)

Sólido

PowerBiofilm DNA Isolation Kit



meta

Extracción  
del ADN



Amplificación del  
gen ARNr 16S



Secuenciación por  
Ion Torrent PGM



Tratamiento  
de datos





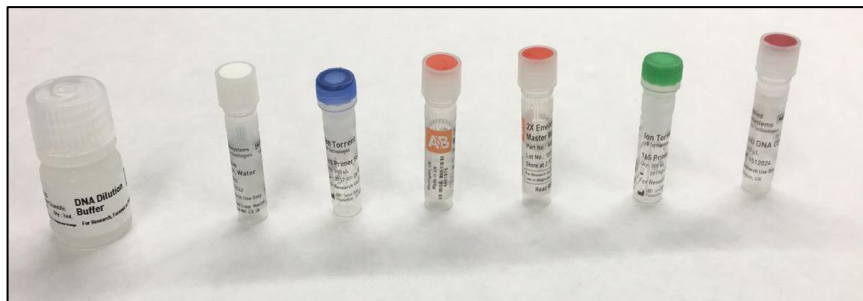
# METODOLOGÍA

## Amplificación del gen ARNr 16S



**CONSERVED REGIONS:** unspecific applications

**VARIABLE REGIONS:** group or species-specific applications



***Ion 16S Metagenomics Kit***

Extracción  
del ADN

Amplificación del  
gen ARNr 16S

Secuenciación por  
Ion Torrent PGM

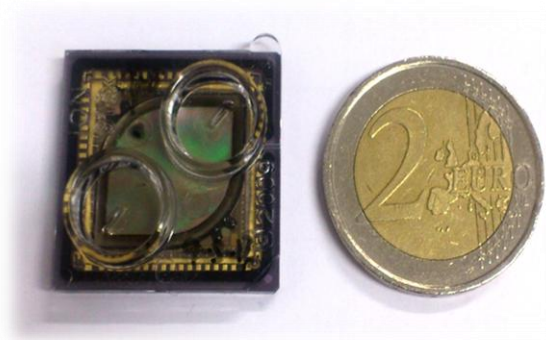
Tratamiento  
de datos

**meta**



# METODOLOGÍA

## Secuenciación por Ion Torrent PGM



Ion 318™ Chip → 4 millones de lecturas

*Secuencias de nucleótidos: A-T-T-C-G-C-T-A-C....*

*¿Y ahora qué?*

Extracción  
del ADN

Amplificación del  
gen ARNr 16S

Secuenciación por  
Ion Torrent PGM

Tratamiento  
de datos

meta



# METODOLOGÍA

## Tratamiento de datos

Clasificación taxonómica de los microorganismos hasta nivel de especie



meta

Extracción  
del ADN

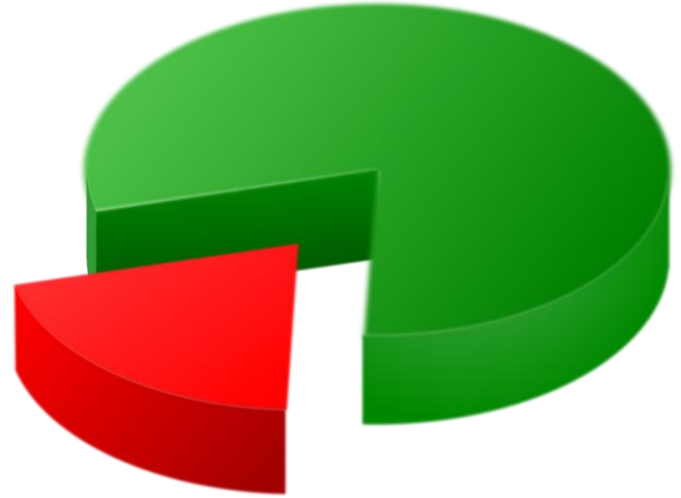
Amplificación del  
gen ARNr 16S

Secuenciación por  
Ion Torrent PGM

Tratamiento  
de datos



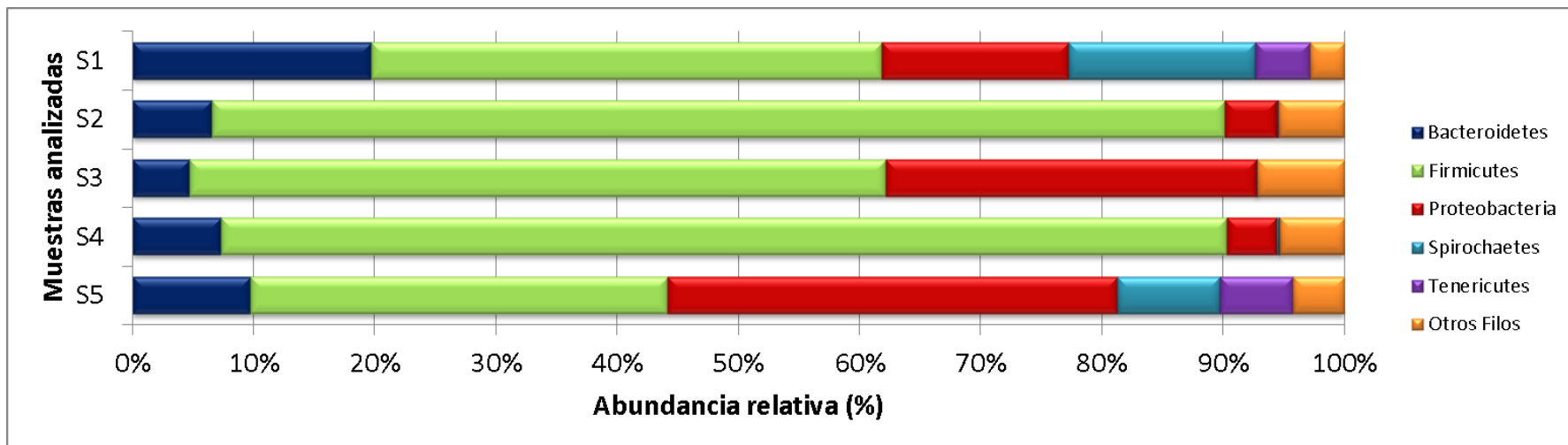
# RESULTADO S





## RESULTADOS

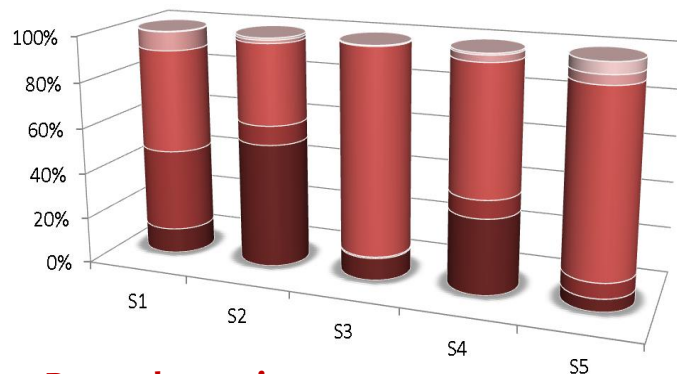
### Distribución de los FILOS presentes en las muestras



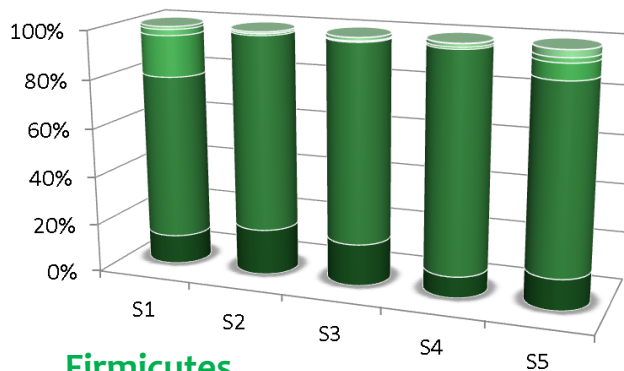


## RESULTADOS

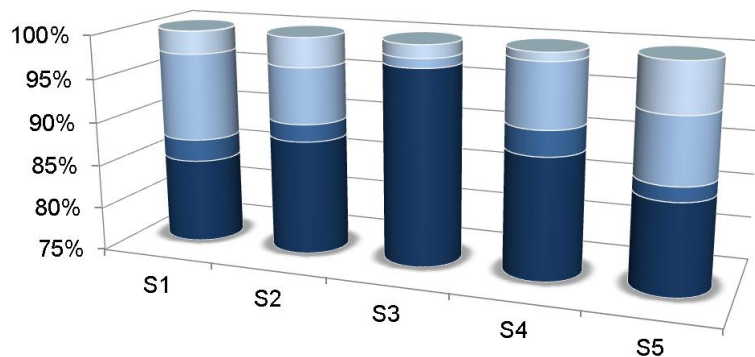
### Distribución de los CLASES mayoritarias



#### Proteobacteria



#### Firmicutes



#### Bacteroidetes

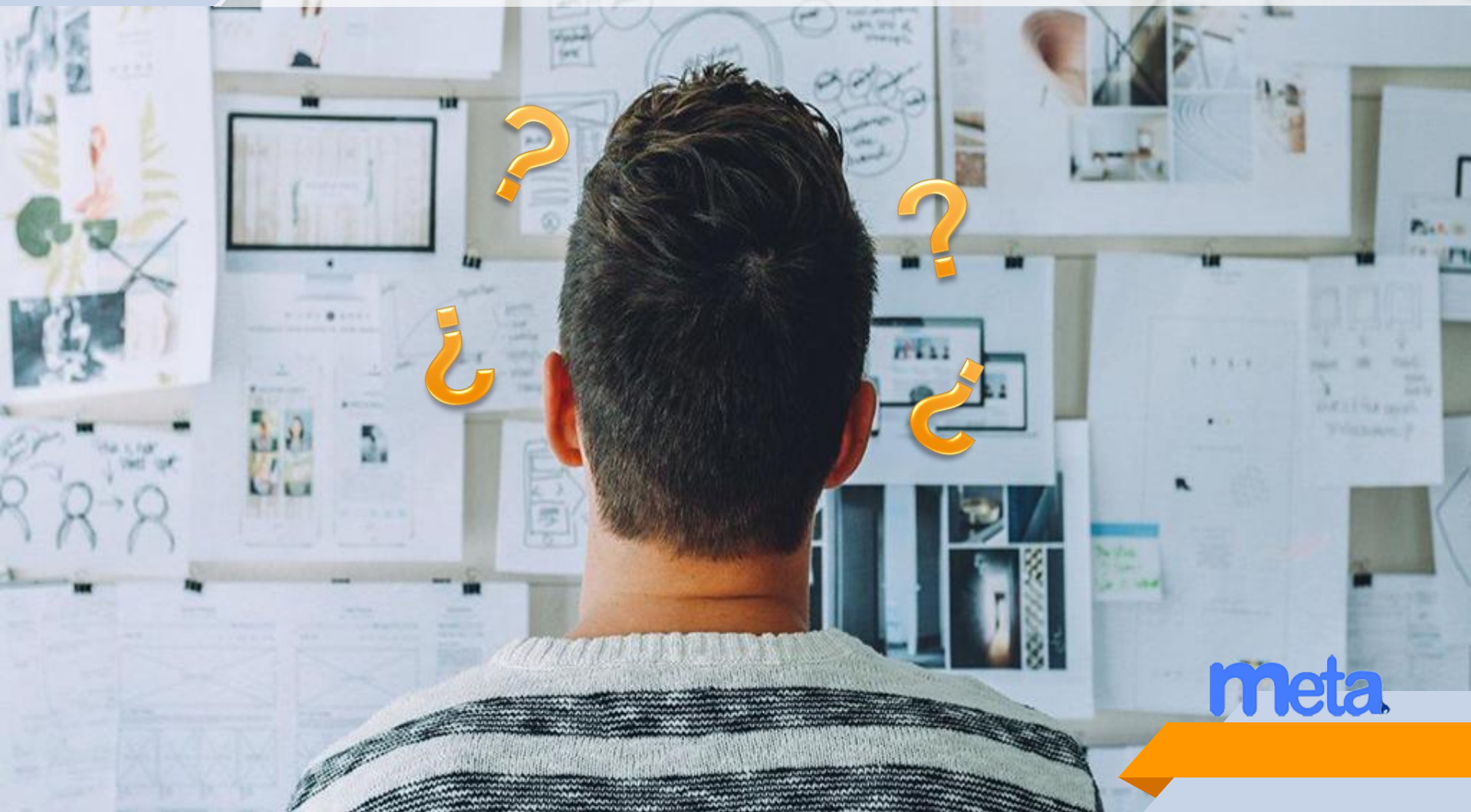
meta

# ¿Cuál

|  |  |
|--|--|
|  |  |
|--|--|

|  |  |
|--|--|
|  |  |
|--|--|

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|
|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
|--|--|--|--|--|--|--|--|--|--|





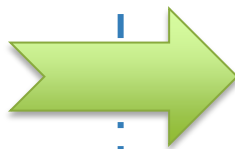


## DISCUSIÓN

### PROCESO DE DIGESTIÓN ANEROBIA:

#### Muestra inicial (S1)

- Firmicutes filo mayoritario (41%)
  - Celulasas, lipasas, proteasas
- Bacteroidetes (19%)
  - Degradación moléculas orgánicas complejas
- Proteobacteria (15%)
  - Hidrólisis acidogénesis, acetogénesis



#### Digestato (S2)

- Firmicutes filo mayoritario (83%)
- Bacteroidetes (7%)
  - Especialmente sensible a la T°
- Proteobacteria (4%)
  - Incluye bacterias aerobias

Correcto funcionamiento del reactor





## DISCUSIÓN

### Digestato

Firmicutes: 83%  
Bacteroidetes: 7%  
Proteobacteria: 4%

## PROCESO DE CENTRIFUGACIÓN:

### Fase Sólida (S3)

- Firmicutes filo mayoritario (57%)
- Bacteroidetes (5%)
- Proteobacteria (31%)

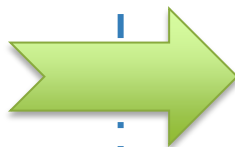
Proceso posterior de compostaje



Necesario enzimas para la hidrólisis



Ventaja para el proceso de compostaje



### Fase Líquida (S4)

- Firmicutes filo mayoritario (83%)
- Bacteroidetes (7%)
- Proteobacteria (4%)

Muy similar al digestato  
Importante debido a su recirculación

meta



## DISCUSIÓN

### Fase Líquida

Firmicutes: 83%  
Bacteroidetes: 7%  
Proteobacteria: 4%

## PROCESO DE DECANTACIÓN:

### Licor decantado (S5)

- Firmicutes filo mayoritario (37%)
- Bacteroidetes (10%)
- Proteobacteria (37%)
- Spirochaetes (8%)
- Tenericutes (6%)



- Influencia del tiempo de retención y las condiciones aerobias del proceso
- Incremento de los filos minoritarios
- Gran importancia de Proteobacteria para el tratamiento posterior



Planta de tratamiento de aguas



## DISCUSIÓN

### Evolución de las clases:

- Las mayores diferencias se observaron el filo de las Proteobacterias

- **Alfa-proteobacterias**

- Bacterias anaerobias fermentativas
- Predominante en reactores mesofilos

Predominante tras la digestión anaerobia

- **Gamma-proteobacterias**

- Mayoritarias en la fase sólida y producto decantado
- Junto con alfa-proteobacterias gran importancia en procesos de compostaje
- Junto con beta-proteobacterias gran influencia en procesos de nitrificación/desnitrificación



# CONCLUSIONES





## CONCLUSIONES

- La caracterización microbiológica de las muestras tras el proceso de digestión anaerobia pone de manifiesto la importancia de los microorganismos presentes en las fases de hidrólisis, fermentación y metanogénesis
- El estudio de la abundancia relativa de los microorganismos en las corrientes sólida y líquida generadas tras el proceso de centrifugación es de gran interés para la mejora o empeoramiento de los procesos posteriores
- Las condiciones operacionales en la etapa de decantación influyen significativamente en la abundancia relativa de los filos, y por tanto, en los procesos posteriores de tratamiento

# MUCHAS GRACIAS POR SU ATENCIÓN

**Ana Isabel Díaz González**

Departamento de Ingeniería Química y  
Tecnología del Medio Ambiente  
Universidad de Oviedo

 [diazgana@uniovi.es](mailto:diazgana@uniovi.es)



**meta**