

Caracterización de comunidades bacterianas establecidas en un reactor biológico fijo para el tratamiento de efluentes domésticos

Characterization of bacterial communities established in a fixed biological reactor for the treatment of domestic effluents

Erandy Mirell Zúñiga Hernández² - Miguel Ángel Ramos López²  - Carlos Eduardo Zavala Gómez² 
Juan Campos Guillén²  - Janet Ledesma García¹  - Luis Gerardo Arriaga Hurtado³ 
Aldo Amaro Reyes²  - Diana Issell Sandoval Cárdenas²  - José Alberto Rodríguez Morales¹  

¹Universidad Autónoma de Querétaro, Facultad de Ingeniería. Querétaro, Querétaro, México

²Universidad Autónoma de Querétaro, Facultad de Química. Querétaro, Querétaro, México

³CIDETEQ S.C. Querétaro, Querétaro, México

 josealberto970@hotmail.com

Recepción: 06-12-2021 / Aceptación: 16-06-2022 / Publicación: 15-06-2023

© Nova Scientia, bajo licencia Creative Commons / ISSN 2007-0705

Resumen: el tratamiento biológico es el más utilizado para las aguas residuales domésticas. El reactor de lecho fijo es una biopelícula de microorganismos capaces de degradar la materia orgánica, y es una alternativa eficiente en comparación con los sistemas convencionales, ya que aumenta la superficie de contacto entre el microorganismo y la materia orgánica. El presente trabajo se centra en la adaptación, aclimatación y uso de lodo activado para la formación de una biopelícula en un biorreactor para el tratamiento de efluentes domésticos con un soporte PET; se comprobó que dicho material es factible para ser implementado como medio de soporte. El sistema de lecho fijo se mantuvo en operación durante 150 días, utilizando agua residual doméstica como sustrato, y evaluando la eficiencia del reactor por medio de parámetros de calidad de agua. La diversidad microbiana se evaluó por análisis de ARNr 16S. Las eficiencias de remoción de la Demanda Química de Oxígeno (DQO) y Demanda Bioquímica de Oxígeno (DBO) fueron mayores del 90 % y se logró la neutralización del efluente con características alcalinas. El tiempo de tratamiento fue de 4 h. Se identificaron 11 Phylum bacterianos correspondientes para biopelícula y 8 en suspensión, donde los principales grupos bacterianos fueron Proteobacterias, Bacteroidetes y Firmicutes. El tiempo de tratamiento disminuyó en un 50 % respecto a los sistemas convencionales. La identificación de los Phylum permite comprender mejor la complejidad de las estructuras bacterianas en aguas residuales y como interviene en la eficiencia de los procesos del tratamiento de aguas residuales.

Palabras clave: biopelícula; tratamiento de aguas; biomarcador; PET; lecho fijo; aguas residuales; microorganismos; materia orgánica; phylum; neutralización; medios de soporte; lodo

Abstract: biological treatment is most used for domestic wastewater. The fixed-bed reactor is a biofilm of microorganisms capable of degrading organic matter, and is an efficient alternative compared to conventional systems, as it increases the contact surface between the microorganism and organic matter. The present work focuses on the adaptation, acclimatization, and use of activated sludge for the formation of a biofilm in a bioreactor for the treatment of domestic effluents with a PET support; It was proven that such material is feasible to be implemented as a means of support. The fixed bed system was kept in operation for 150 days, using domestic wastewater as a substrate, and evaluating the efficiency of the reactor by means of water quality parameters. Microbial diversity was assessed by 16S rRNA analysis. The removal efficiencies of Chemical Oxygen Demand (COD) and Biochemical Oxygen Demand (BOD) were greater than 90% and neutralization of the effluent with alkaline characteristics was achieved. The treatment time was 4 h. We identified 11 corresponding bacterial phylums for biofilm and 8 in suspension, where the main bacterial groups were Proteobacteria, Bacteroidetes and Firmicutes. Treatment time was reduced by 50% compared to conventional systems. The identification of the Phylum allows us

to better understand the complexity of bacterial structures in wastewater and how it intervenes in the efficiency of wastewater treatment processes.

Keywords: biofilm; water treatment; biomarker; PET; fixed bed; sewage; microorganisms; organic matter; phylum; neutralization; means of support; activated sludge.

1. Introducción

Con el tratamiento de aguas residuales se busca, principalmente, efectuar el reúso de este recurso y, por otro lado, minimizar el impacto ambiental. Hasta el año 2016, las plantas de tratamiento de agua residual municipales en México tenían la capacidad de procesar solo el 57 % de las descargas domésticas (CONAGUA, 2016). En los últimos años se ha incrementado el interés por la eliminación de estos contaminantes, mediante nuevas y mejores tecnologías que permitan el tratamiento a un bajo costo y con resultados que satisfagan las Normativas aplicables (Crombet et al., 2016).

Dentro del tratamiento biológico aerobio, se cuenta con los reactores de lecho fijo FBBR (Fixed Bed Biofilm Reactor), cuyo objetivo es la formación de la biopelícula, así como de la estructura multicapa y tridimensional de microorganismos heterogéneos adheridos a un soporte (Gagliano et al., 2017). La formación de la biopelícula está dada por canales constituidos por polisacáridos extracelulares que permiten el transporte de nutrientes, oxígeno, agua, y sustancias excretadas que facilitan la comunicación con otras colonias. Asimismo, mediante sus capacidades metabólicas, éstas permiten la degradación de materia orgánica y de otros contaminantes traza, permitiendo el funcionamiento del sistema (Vigueras-Carmona et al., 2013).

Por otro lado, el establecimiento de las biopelículas está determinado por las interacciones entre los microorganismos, el pH, la temperatura, la cantidad de nutrientes, los tipos de contaminantes, los tiempos de retención, y el tipo de material de soporte donde se pueda generar la biopelícula (Mahendran et al., 2012).

Estos biorreactores ofrecen varias ventajas: implican un bajo costo inicial y de operación; permiten el crecimiento uniforme de biomasas, así como la reducción de volumen del reactor biológico, y la recuperación rápida del proceso ante inhibiciones. Además, con ellos no hay necesidad de recircular lodos; soportan variaciones de carga y de caudal; requieren menor cantidad de energía al mantenerse inmovilizada la biomasa (biopelícula); pueden ser adaptados a plantas ya construidas o con limitaciones de área; no generan pérdida de material de soporte, y se aumenta la variedad de microorganismos dentro del reactor sobre el medio de soporte (Welter et al., 2005).

El componente fundamental involucrado en la eficiencia de estos reactores es el soporte. Se han empleado distintos materiales como polímeros, cerámicos, espumas, esferas de polietileno, entre otros (González, y López, 2018). El material reciclado (PET) es ligero y, dado que es reciclado y es considerado un desecho, es fácil de conseguir (Comăniță et al., 2016).

Los microorganismos se incorporan con mayor facilidad a superficies hidrófobas con respecto a los soportes hidrófilos (Wang et al., 2012). El tereftalato de polietileno (PET) como material de soporte es viable, ya es hidrófobo, duro e inerte; sin embargo, ha demostrado tener buena adherencia para la formación de biopelículas, lo que conlleva a su rápida formación (Mendoza, 2016).

Los sistemas de tratamiento biológicos de lecho fijo son sistemas complejos con una gran diversidad de bacterias (Cyzdik-Kwiatkowska y Zielińska, 2016). Algunos géneros poseen una mayor facilidad para la adherencia al soporte, y son quienes dan pie para la formación de la biopelícula (Bou et al., 2011).

Las técnicas moleculares basadas en el biomarcador ARNr 16S (Xia et al., 2014), permiten evaluar el impacto de los consorcios bacterianos en distintos factores, como por ejemplo, la correlación de la diversidad bacteriana con la intensidad de aireación en el reactor (Mahendran et al., 2012), el impacto del amoníaco y la carga de carbono orgánico en comunidades oxidantes de amoníaco (Cyzdik-Kwiatkowska y Zielinska (2016), y controlar la actividad

microbiana para eliminar contaminantes específicos (Valeriano-Zapana y Gonzales-Limache, 2016) como fenoles (Moreno-Andrade y Buitrón, 2008).

El presente trabajo pretende tiene como objetivo principal comprobar que los lodos activados se puedan fijar al soporte a base PET e identificar a las comunidades bacterianas que se van formando en las diferentes etapas del experimento y además que cumpla con su función del tratamiento de agua residual doméstica para alcanzar la NORMA OFICIAL MEXICANA NOM-003-ECOL-1997 que establece los límites máximos permisibles de contaminantes para las aguas residuales tratadas que se reúsen en servicios al público.

2. Métodos, técnicas e instrumentos

Un sistema FBBR se construyó y, se monitoreo durante 150 días de operación. Las fases de desarrollo del proceso se determinaron de acuerdo con la medición de parámetros de calidad de agua según los parámetros establecidos en la NOM 003 SEMARNAT 1997. Así mismo se realizó una caracterización de las comunidades bacterianas establecidas durante cada fase.

2.1. Construcción del reactor sistema de lecho fijo FBBR con soporte PET

La figura 1 muestra el sistema FBBR que se empleó, el cual fue constituido por un tanque de acrílico con volumen de 90 litros, un soporte de 21 columnas de botellas PET de 1 y 0.5 L con un área de contacto de 7.53 m². El reactor fue operado en modo de lotes con una temperatura de 19 a 25.5°C y concentración de oxígeno disuelto de 3 – 4 mg/l.

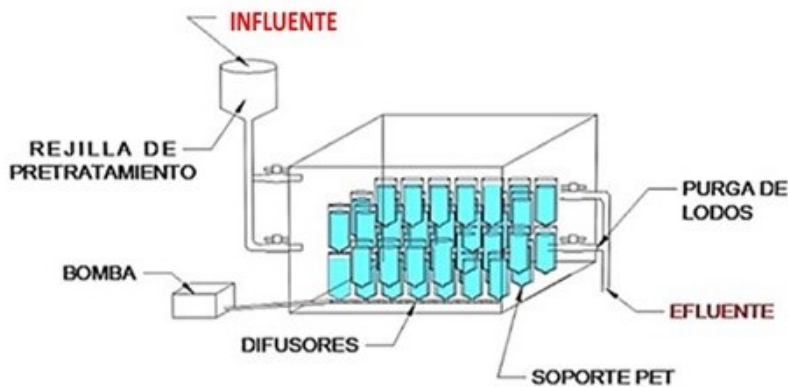


Figura 1. Esquema de reactor aerobio de lecho fijo con soporte PET.

Figure 1. Fixed-bed aerobic reactor scheme with PET support.

El reactor fue inoculado con 6 litros de lodos activados y utilizando como sustrato agua residual doméstica proveniente de la planta de tratamiento de la Universidad Autónoma de Querétaro Campus Aeropuerto.

2.2. Cinética de crecimiento biológico

Cuando los microorganismos se han adaptado y logrado un equilibrio para su supervivencia se alimentan de la materia orgánica a depurar; un número alto de microorganismos denota una mayor velocidad de consumo de alimentos. Ecuación 1:

$$r_g = \mu X \quad (1)$$

Donde:

rg = Velocidad de crecimiento bacteriano.

μ = velocidad específica de crecimiento.

X = concentración de microorganismos.

En los cultivos donde se limita el sustrato el crecimiento de los microorganismos deja de crecer por consecuencia el crecimiento es limitado y el comportamiento sigue la relación propuesta por Monod. Ecuación 2:

$$r_g = \frac{\mu_m K_S}{K_S + S} \quad (2)$$

Donde:

μ_m = Máxima velocidad de crecimiento.

K_S = Concentración de saturación del sustrato, g DQO/L

S = Concentración del sustrato.

En un sustrato determinado existe un valor constante en la producción de nuevas células; relacionando la velocidad de crecimiento y la velocidad de utilización de sustrato, tenemos la ecuación 3 tenemos:

$$r_g = -Y r_{su} \quad (3)$$

Donde:

Y = Coeficiente de máximo rendimiento medio.

r_{su} = Velocidad de utilización de sustrato.

De las ecuaciones 2 y 3 tenemos:

$$r_{su} = \frac{K_S X}{K_S + S} \quad (4)$$

Donde:

K = Velocidad máxima de utilización de sustrato.

2.3. Decaimiento endógeno

En el proceso de crecimiento de microorganismos se evidencia que las edades de ellos no presentan una distribución igual por ser un crecimiento exponencial; las células al consumir el sustrato no emplean toda esa energía para la producción de nuevas células si no la utilizan para el mantenimiento celular, muerte o depredación de otras poblaciones, entre otros. Ecuación 5:

$$r_d = K_d X \quad (5)$$

Donde:

r_d = Velocidad de decaimiento en la descomposición endógena;

K_d = Coeficiente de la velocidad de descomposición endógena, tiempo⁻¹

2.4. Determinación de Coeficientes biocinéticos

La estabilización de la biomasa se determinó con base en los coeficientes biocinéticos, los cuales indican el crecimiento de la biomasa, la tasa de utilización del sustrato, la relación alimento-microorganismos, el tiempo medio

de retención celular, los sólidos suspendidos totales, la demanda química de oxígeno (DQO), la tasa máxima de utilización de sustrato (k) y la constante de velocidad media (K_s).

Eckenfelder propone una relación para la remoción de sustrato que puede ser derivada de la ecuación de Monod. Ecuación 6:

$$\frac{S_0 - S}{\theta} = K S \quad (6)$$

Donde:

θ = tiempo de retención hidráulico (h)

X = Sólidos suspendidos volátiles (mg/L)

S_0 = DQO soluble en influente (mg /L)

S = DQO soluble en efluente (mg /L)

K = Velocidad máxima de utilización de sustrato por unidad de masa de microorganismos.

En la cinética de remoción de DBO soluble se determinan el de Primer Orden; el de Orden Variable o Monod y el de Grau; donde los valores obtenidos se deben ajustar a un modelo cinético de remoción. De la ecuación 7:

$$r_{su} = \frac{KXS}{K_s + S} = -\frac{S_0 - S}{\theta X} \quad (7)$$

K_s = Constante de la concentración de saturación del sustrato, g DQO/L

Reajustando y dando forma a la ecuación de una línea recta $y = b + mx$, encontramos que el rendimiento celular máximo (Y) y el coeficiente de decaimiento endógeno (k_d) se calcularon utilizando la ecuación 8.

$$\frac{\theta X}{S_0 - S} = \frac{K_s}{K} S + \frac{1}{K} \quad (8)$$

Igualando los coeficientes a la ecuación de una recta tenemos la ecuación 9:

$$y = \frac{\theta X}{S_0 - S} ; x = S ; m = \frac{K_s}{K} ; b = \frac{1}{K} \quad (9)$$

2.5. Eficiencia del reactor

El reactor FBBR fue monitoreado durante 150 días para determinar la eficiencia por medio de la calidad del efluente siguiendo los parámetros de pH, color, turbidez, DQO y DBO₅, los cuales establece la NOM 003 SEMARNAT 1997 y NOM 001 SEMARNAT 1996.

2.6. Caracterización de la biopelícula

La cantidad de microorganismos presentes en la biomasa se determinó indirectamente como sólidos volátiles inmovilizados (STVi). La formación de la biopelícula se determinó mediante un análisis con microscopía electrónica de barrido (MEB) utilizando un equipo JEOL JSM-6060 LV con voltaje de aceleración 10 y 20 kV. La muestra se montó sobre un soporte de aluminio adherido con cinta doble cara carbón, se recubrió con oro en un EMS 550 Sputter Coater, durante dos ciclos de cinco minutos.

La estructura de la comunidad bacteriana se realizó mediante el análisis de secuencias 16S del ARN ribosomal (ARNr). Las muestras se recolectaron los días 1, 20 y 120 de operación del reactor biológico. La extracción de ADN

se realizó utilizando el kit DNA Power Soil (MO BIO Laboratories, Inc.) siguiendo las instrucciones del fabricante. La verificación de purificación de ADN se realizó mediante electroforesis.

El ARN ribosomal 16S se amplificó utilizando los cebadores predeterminados de MacroGen (V3-V4): CTACGGGNGGCWGCAG y GACTACHVGGGTATCTAATCC. Las secuencias obtenidas se secuenciaron mediante la plataforma Illumina MiSeq.

El análisis de las secuencias de lectura directa (F) y reversa (R) de cada muestra se realizó con el software Geneious Prime 2021 (<https://www.geneious.com>). La calidad de las secuencias complementarias se analizó con Trimm using BBDuk” versión 37.64 y se fusionaron con “Merge Paired Reads” con una velocidad de fusión baja para evitar los falsos positivos; Los archivos generados del proceso anterior se sometieron a UCHIIME con la base de referencia RDP-Gold para la eliminación de lecturas quiméricas y se redujo más el número de secuencias. Las secuencias finales se subieron a la nube de Geneious con la herramienta “16S Biodiversity”, donde se realizó la agrupación de las secuencias y la asignación de la taxonomía utilizando el RDP classifier v2.12. En esta herramienta se generaron gráficas de jerarquía en Krona. El ADN total de cada una de las muestras se envió al Instituto MacroGen de Corea (Seoul, República de Corea).

3. Resultados y discusión

Se desarrolló un sistema FBBR nivel escala laboratorio con un volumen de tratamiento de 90 litros alimentado con agua residual doméstica e inoculado con biomasa en suspensión. Implementando PET como medio de soporte para el desarrollo de la biopelícula obteniendo un área de contacto de 7.53m² aumentando la superficie de empalme en comparación a los reactores en suspensión. El reactor fue evaluado durante 150 días y se realizaron análisis de DQO como indicativo de la eficiencia del sistema semanalmente.

3.1. Caracterización del agua residual

Los parámetros de la muestra del agua residual de acuerdo con la NOM 003 SEMARNAT 1997 y NOM 001 SEMARNAT 1996 se muestran en las tablas 1 y 2. Los parámetros que rebasaron los límites establecidos fueron los sólidos sedimentables, sólidos suspendidos totales, DBO, nitrógeno total, fosforo total, coliformes fecales y grasas y aceites.

Tabla 1. Caracterización del agua residual conforme la NOM-003 SEMARNAT 1996.

Table 1. Characterization of wastewater according to NOM-003 SEMARNAT 1996.

Parámetro	Valor obtenido	Límite máximo permisible
Coliformes Fecales	>2,400,000 NMP/100 ml	1,000 NMP/100 ml
Huevos Helminto	<1	≤ 5 h/L
Grasas y Aceites	25 mg/L	15 mg/L
DBO	674 mg/L	20 mg/L
Solidos Suspendidos Totales	925 mg/L	20 mg/L

Tabla 2. Caracterización del agua residual conforme la NOM-001 SEMARNAT 1996.**Table 2.** Characterization of wastewater according to NOM-001 SEMARNAT 1996.

Parámetro	Valor obtenido del agua residual	Límite máximo permisible
Temperatura °C	25.5	40 °C
Grasas y Aceites	25	25 mg/L
Materia Flotante	Ausente	Ausente
Solidos Sedimentables	3	2 mg/L
Solidos Suspendidos Totales	925	60 mg/L
Demanda Bioquímica de Oxígeno	489	60 mg/L
Nitrógeno Total	50	25 mg/L
Fósforo Total	20	10 mg/L
Arsénico	N.D.	0.2 mg/L
Cadmio	N.D.	0.2 mg/L
Cianuro	N.D.	2.0 mg/L
Cobre	N.D.	6.0 mg/L
Cromo	N.D.	1.00 mg/L
Mercurio	N.D.	0.01 mg/L
Níquel	N.D.	4.0 mg/L
Plomo	N.D.	0.4 mg/L
Zinc	N.D.	20 mg/L

Nota: N. D.: No detectable.

Note: N. D.: Not detectable.

3.2. Determinación de coeficientes biocinéticos

La DQO en el influente y efluente y los SSV(X) calculadas en cada ciclo de tratamiento se muestran en la tabla 3. La DQO en el efluente disminuyó 10 veces respecto al valor del afluente y los SSV disminuyeron más del 50 %.

Tabla 3. Valores de la Demanda Bioquímica de Oxígeno (S) y Sólidos Suspendidos Volátiles (X) asociadas al cálculo de los coeficientes biocinéticos.**Table 3.** Values of the Biochemical Demand of Oxygen (S) and Volatile Suspended Solids (X) associated with the calculation of the biokinetic coefficients.

Ciclo	S ₀ mg/L DQO	S mg/L DQO	θ h	X g SSV/L
1	0.748	--	0	5.00
2	--	0.204	1	4.86
3	--	0.141	2	4.53
4	--	0.083	4	3.5
5	--	0.074	8	2.30

El cálculo de los parámetros cinéticos $X\theta$, $1/S$ y $X\theta/(S_0 - S)$ se muestran en la tabla 4.

Tabla 4. Variables asociadas al cálculo de k y Ks.
 Table 4. Variables associated with the calculation of k and Ks.

$X\theta$ (g SSV/h*L)	$1/S$ (g/L DQO)	$X\theta / (SO - S)$ (h-1)
4.867	4.902	8.947
9.067	7.092	14.937
14.000	12.048	21.053
18.433	13.514	27.344

La figura 2 es el grafico de $X\theta / (SO - S)$ respecto a $1/S$. En este gráfico la ordenada al origen es $1/k$, que denota el inverso de la tasa máxima de utilización de sustrato; mientras que la pendiente es igual a Ks/k . A partir de esta grafica se obtuvieron los valores de k y Ks que fueron 5.6 h-1 y 10.67 mg DQO /L respectivamente.

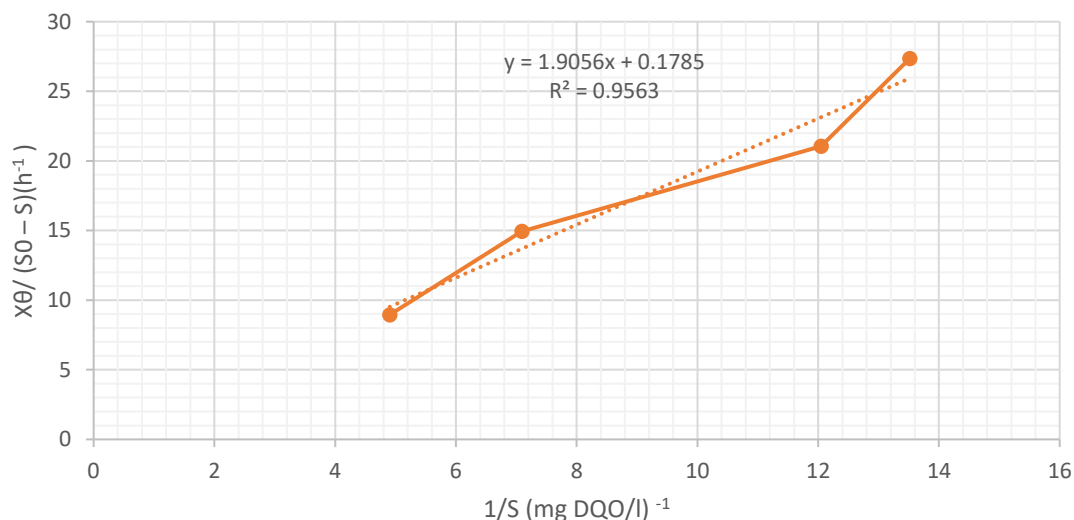


Figura 2. Tasa máxima de crecimiento (k) y Constante de velocidad media (Ks).
 Figure 2. Maximum growth rate (k) and Average velocity constant (Ks).

Las variables $1/\theta$ y $(SO - S) / X\theta$ se muestran en la tabla 5.

Tabla 5. Variables asociadas al cálculo de Y y kd.
 Table 5. Variables associated with the calculation of Y and kd.

$1/\theta$ h-1	$(SO - S) / X\theta$ h-1
1	0.112

0.5	0.067
0.25	0.048
0.125	0.037

La figura 3 muestra el grafico de estos resultados permiti  calcular el rendimiento celular m ximo (Y) de 0.085 mg SSV/ mg DQO, equivalente a la pendiente de la recta. El coeficiente de decaimiento end geno (kd) se calcul  como la ordenada al origen con un valor de 0.025 h⁻¹.

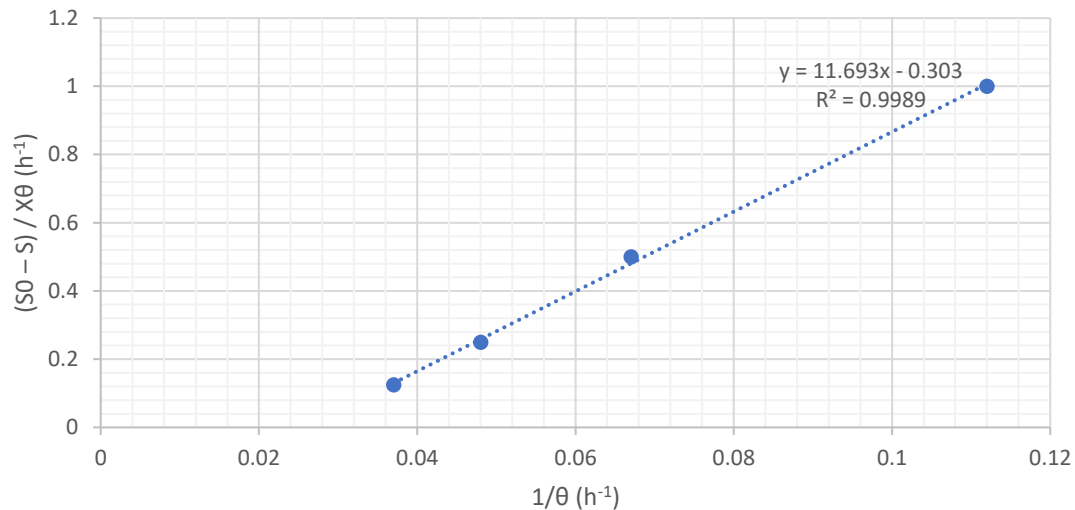


Figura 3. Rendimiento celular m ximo (Y) y el coeficiente de decaimiento end geno (kd).
 Figure 3. Maximum cellular yield (Y) and endogenous decay coefficient (kd).

Los valores de los coeficientes biocin ticos obtenidos se muestran en la tabla 6.

Tabla 6. Coeficientes biocin ticos.

Table 6. Biokinetic coefficients.

Coeficient e	Valor obtenido	Rango	Unidades
k	5.6	4- 12	g DQO/g SSV
Ks	1.90	1.0- 30.0	mg/L DQO
Y	0.085	0.080-0.60	mg SSV/ mg DQO
Kd	0.025	0.02-0.15	h ⁻¹

En la tabla 7 se muestran los resultados de la cin tica de operaci n del reactor biol gico.

Tabla 7. Cin ticas de reacci n.

Table 7. Reaction kinetics.

Par�metro	horas										
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	24
pH	8.8	8.77	8.87	8.83	8.83	8.57	8.43	8.43	8.17	8.1	7.8
Color (Unidades Pt-Co)	4.62	169.7	153	119	117.3	112	109.7	112.3	107.8	105.8	104

Turbidez (NTU)	146.7	37	24.33	18	11	13.3	10	11	10	10	9
SDT (mg/L)	1224	1284	1147	1011	989	967	931	959	850	760	639
DQO (mg/L)	674	89.66	85.66	90.66	68.66	63.66	51.66	58.9	60	69	58

3.3. Eficiencia del reactor

A 30 días de operación, el reactor ya estaba estabilizado y el efluente cumplía todos los límites permisibles señalados por la NOM 003 SEMARNAT 1997 y NOM 001 SEMARNAT 1996, con un tiempo de tratamiento de 6 horas. Para el día 90 el tiempo de residencia disminuyó 4 horas, llevando una disminución del más del 90 % de DBO.

Tabla 8. Comparación de Valores obtenidos NOM 001 SEMARNAT 1996.

Table 8. Comparison of Values obtained NOM 001 SEMARNAT 1996.

Parámetro	Valor obtenido del agua residual	Valor obtenido del agua residual tratada	Límite máximo permisible
Temperatura °C	25.5	24.5	40 °C
Grasas y Aceites	25	15	25 mg/L
Materia Flotante	Ausente	Ausente	Ausente
Sólidos Sedimentables	3	Ausente	2 mg/L
Sólidos Suspendidos	925	18	60 mg/L
Totales			
Demanda Bioquímica de Oxígeno	489	20	60 mg/L
Nitrógeno Total	50	5.8	25 mg/L
Fósforo Total	20	1.33	10 mg/L
Arsénico	N.D.	N.D.	0.2 mg/L
Cadmio	N.D.	N.D.	0.2 mg/L
Cianuro	N.D.	N.D.	2.0 mg/L
Cobre	N.D.	N.D.	6.0 mg/L
Cromo	N.D.	N.D.	1.00 mg/L
Mercurio	N.D.	N.D.	0.01 mg/L
Níquel	N.D.	N.D.	4.0 mg/L
Plomo	N.D.	N.D.	0.4 mg/L
Zinc	N.D.	N.D.	20 mg/L

Nota: N. D.: No detectable.

Note: N. D.: Not detectable.

Tabla 9. Comparación de Valores obtenidos NOM 003 SEMARNAT 1997.

Table 9. Comparison of values obtained NOM 003 SEMARNAT 1997.

Parámetro	Valor obtenido del agua residual	Valor obtenido del agua residual tratada	Límite máximo permisible
Coliformes Fecales	>2,400,000 NMP/100 mL	23	1,000 NMP/100 ml
Huevos Helminto	<1	<1	≤ 5 h/L
Grasas y Aceites	25	15	15 m/L

Demanda Bioquímica de Oxígeno	480	20	20 mg/L
Sólidos Suspendidos Totales	925	18	20 mg/L

3.4. Remoción de turbidez, color y sólidos disueltos totales

Los datos de la disminución de color posterior al tratamiento biológico durante los 150 días de operación se presentan en la figura 4. A pesar de que las características de color del influente oscilaban entre 700 - 400 U Pt-Co, el reactor fue eficiente desde los primeros días de operación, llegando a una remoción > 86 % ya estable el proceso, tal como se muestra en la tabla 10.

La figura 6 muestra la disminución en el parámetro de turbidez del efluente en comparación con el agua residual de entrada. Se puede observar un proceso inestable durante los primeros 30 días, los cuales corresponden a la fase de aclimatación y adaptación, posterior a esto se denota un reactor estable con un porcentaje de disminución >90 %, tal como se muestra en la tabla 10.

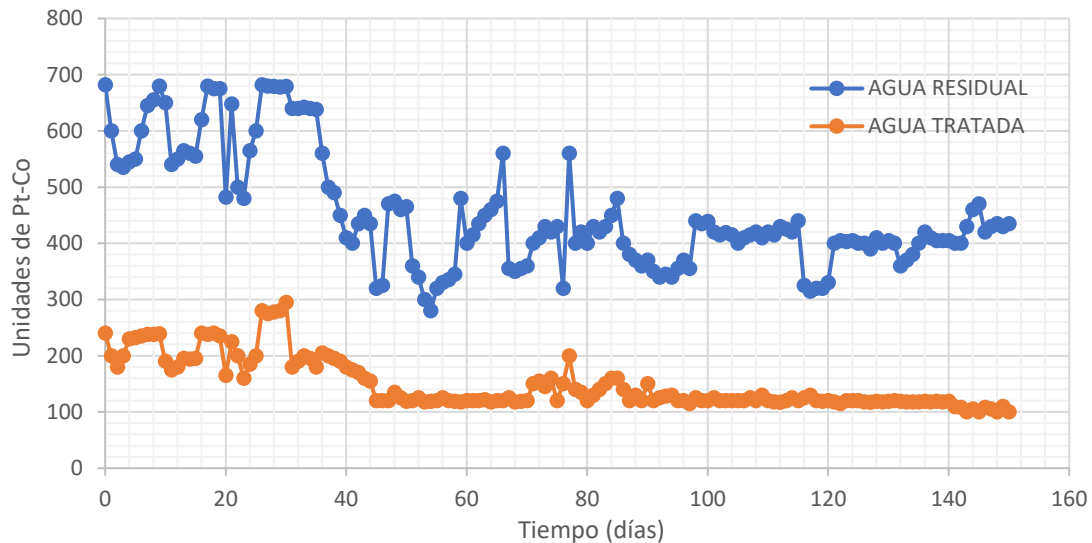


Figura 4. Monitoreo de color del agua residual vs agua residual tratada posterior al tratamiento durante 150 días.
 Figure 4. Color monitoring of wastewater vs treated wastewater after treatment for 150 days.

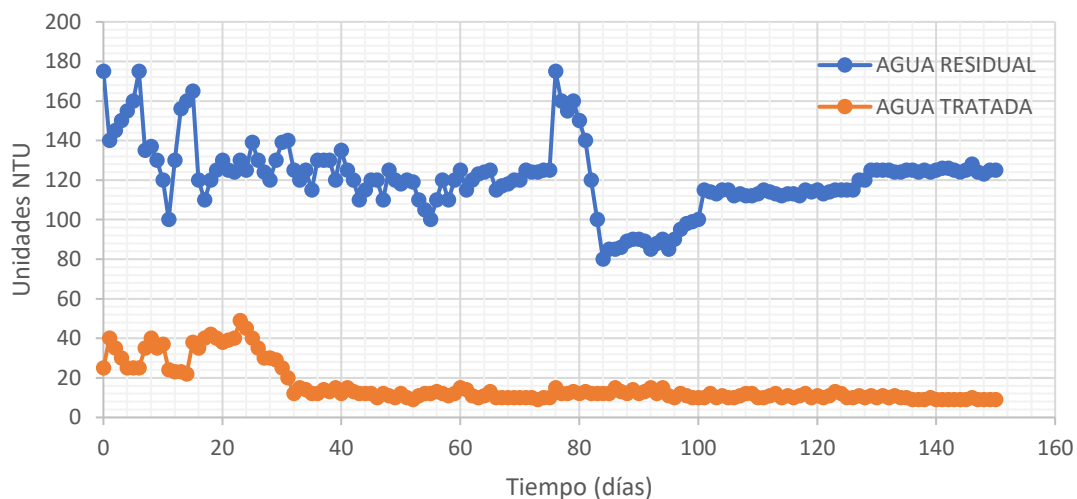


Figura 5. Monitoreo de turbidez del agua residual vs agua residual tratada posterior al tratamiento durante 150 días.

Figure 5. Monitoring of turbidity of wastewater vs treated wastewater after treatment for 150 days.

3.5. Monitoreo demanda química de oxígeno y demanda bioquímica de oxígeno

Durante los 150 días de funcionamiento del FBBR se identificaron 3 fases. La fase inicial fue de aclimatación, en donde el inóculo en suspensión se acopló a su nuevo medio, este periodo constó de 10 días. Durante la fase de adaptación los microorganismos se están adaptados a las condiciones del reactor y al agua residual problema y algunos microorganismos comienzan con la colonización del medio de soporte y con la formación de una biopelícula para llevar a cabo el tratamiento de descargas domésticas; el tiempo de esta fase fue de 30 días. En la tercera etapa llamada estabilización, el reactor ya tiene un proceso eficiente, constante y permite la depuración de contaminantes y materia orgánica debido a la función de la biomasa estabilizada en biopelículas estables e irreversibles; así el agua del efluente cumplía con todos los límites máximos permisibles marcados en la NOM 003 SEMARNAT 1997.

La DBO5 el influente presentó un valor promedio fue de 360.67 mg/l mientras que la del efluente fue de 73.44mg/l, como se observa en la figura 6 la disminución se observó desde el día 25 de tratamiento. La DQO del afluente fue de 640.34 mg/l, mientras que la del influente fue de 136 mg/l como se observa en la figura 7. Ambos parámetros reflejaron un incremento en la eficiencia de la degradación desde los primeros días del experimento, manteniendo una remoción de contaminantes superior al 90 % a partir del día 30.

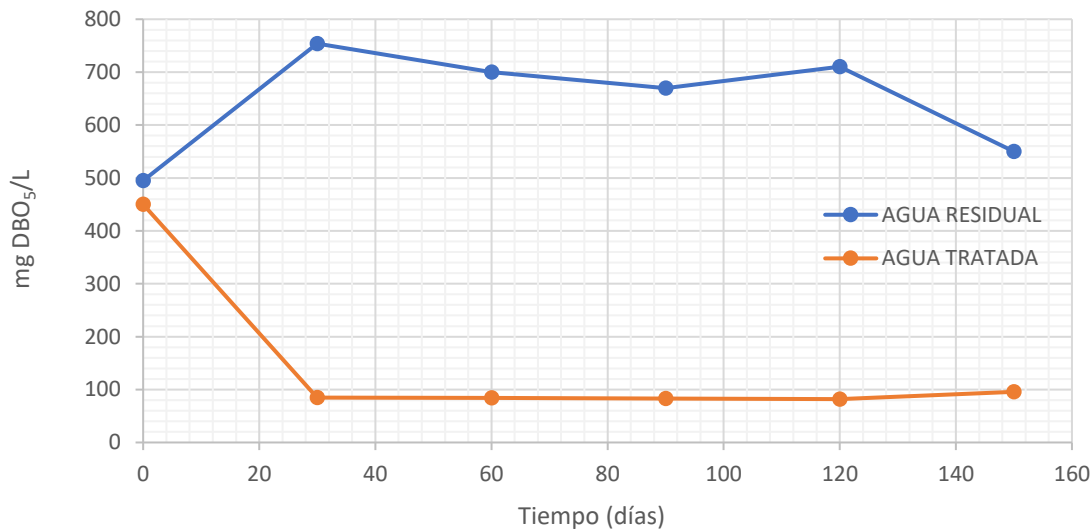


Figura 6. Valores DQO obtenidos del agua residual vs agua residual tratada posterior al tratamiento biológico.
 Figure 6. Values obtained from wastewater vs treated wastewater after biological treatment.

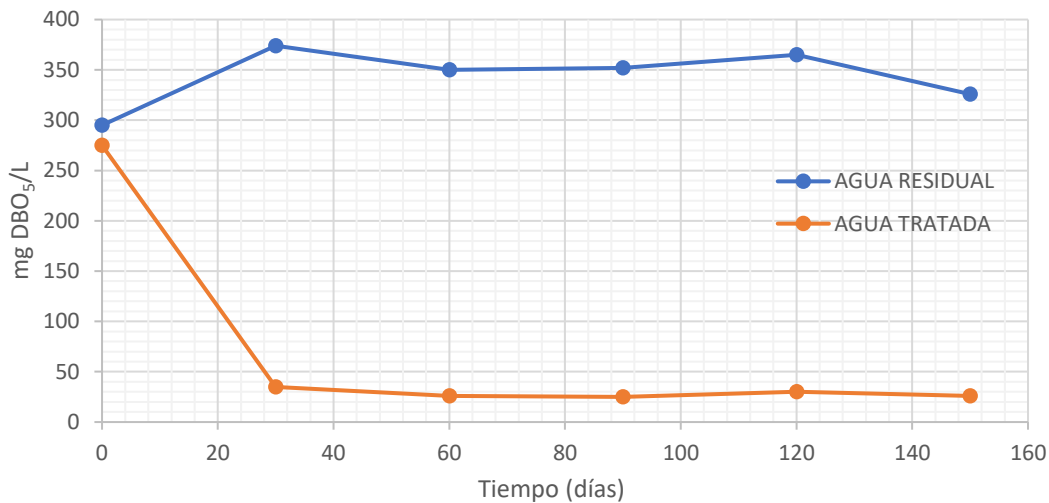


Figura 7. Valores BOD₅ obtenidos del agua residual vs agua residual tratada posterior al tratamiento biológico.
 Figure 7. BOD₅ values obtained from wastewater vs treated wastewater after biological treatment.

3.6. Evaluación del reactor durante 24 horas

Una vez el proceso biológico estable fue capaz de cumplir con todos los límites máximos permisibles estipulados con las normas. Cada 30 días se realizaron cinéticas de reacción de los parámetros de calidad de agua para evaluar la eficiencia del reactor durante 24 horas, así como para determinar el tiempo de retención hidráulica. Los resultados obtenidos se muestran en las tablas 10 y 11.

Tabla 10. Sólidos Volátiles Totales inmovilizados (STVi) cm².
 Table 10. Total Immobilized Volatile Solids (STVi) cm².

Semana	8	10	12	14	17	19
SVTi (g/cm ²)	1.2	0.8	1.62	1.74	1.88	1.72

Tabla 11. % De disminución cinéticas de 24 horas.

Table 11. % 24-hour kinetic decrease.

Parámetro	% Disminución																							
	30 días				60 días				90 días				120 días				150 días							
	2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h
Color (UPt-Co)	6.5	6.2	7.4	7.4	7.5	6.5	6.2	7.8	7.6	6.9	7.6	7.9	7.6	6.6	7.3	7.4	7.7	6.3	6.0	6.9	6.7	5.8	6.1	7.8
Turbidez (UTN)	8.2	8.5	8.9	8.9	9.6	8.2	8.5	8.9	8.9	9.6	9.3	9.2	9.9	8.4	9.5	9.9	9.5	8.3	9.2	9.4	8.0	8.7	8.7	8.7
SDT (ppm)	6.9	9.0	1.0	1.0	11.2	6.9	9.0	1.0	1.2	0.7	0.3	4.5	1.5	0.5	0.2	4.8	1.1	1.6	1.2	2.3	2.3	3.9	3.9	2.0
DQO (mg/l)	8.1	9.0	9.9	9.9	8.0	8.1	9.9	9.9	9.8	4.0	2.2	6.0	9.2	5.4	0.2	3.7	8.4	9.1	9.3	6.1	8.5	8.5	4.0	0.7

De acuerdo con Torres-Lozada, 2011: los tiempos de tratamiento para un sistema convencional en agua doméstica es de 4 a 8 horas, para un sistema de estabilización por contacto total es de 2.5 a 13 horas y que en comparación con el sistema biológico aerobio que se analizó en esta investigación el tiempo de tratamiento es menor al sistema convencional y cumple con el tiempo estimado de tratamiento para el sistema de contacto total.

3.7. Caracterización de la biopelícula

En la primera semana de operación del sistema se observó adherencia de microorganismos al soporte, a la semana 6 se tenía una cobertura del 100 % en el soporte, de forma similar a lo reportado por Nava Urrego et al. (2014). El tiempo de formación de la biopelícula se llevó a cabo en el primer mes de funcionamiento del reactor (fase de estabilización); sin embargo, es indispensable un mayor crecimiento de éste para obtener una formación irreversible. De acuerdo con Olarte-Avellaneda et al. (2012) existen distintos factores que favorecen a la fijación y desarrollo de microorganismos en una biopelícula, algunos de estos factores son concentración de nutrientes, temperatura, cantidad de oxígeno y soportes con propiedades hidrófobas.

El soporte construido con PET contribuyó al desarrollo y crecimiento de la biopelícula. También logró una alta eliminación de materia orgánica, así como una mejor adhesión de la biopelícula al PET, así como lo señalado por Romero y Lapo (2016).

Una vez que se obtuvo una densidad de SVTi de 1.2 g de biomasa/cm², la cual resultó de 0.18 % más a lo reportado a la semana 12 por Romero y Lapo (2014) en un reactor con soporte de PET, el cual obtuvo un valor de 1.02 g/m². A partir de la semana 12 los SVTi no mostraron diferencias significativas. La fijación de la biomasa al PET como medio de soporte y la consecuente formación de la biopelícula se visualizó a partir de la primera semana como se observa en la figura 8; además esto se comprobó mediante Microscopía Electrónica de Barrido (MEB).

La micrografía obtenida mostró la presencia de microorganismos, así como la agrupación y colonización al medio de soporte; para dar lugar a la formación de una matriz donde se aprecia un aglomerado tridimensional de microorganismos, canales de comunicación muy bien definidos y formación de fibras. En la figura 9 se puede observar la presencia de una biopelícula formado por una matriz exopolisacárida y aglomerados bacterianos.



Figura 8. Comparación del PET sin lodo y PET con la formación de la biopelícula.
Figure 8. Comparison of sludgeless PET and PET with biofilm formation.

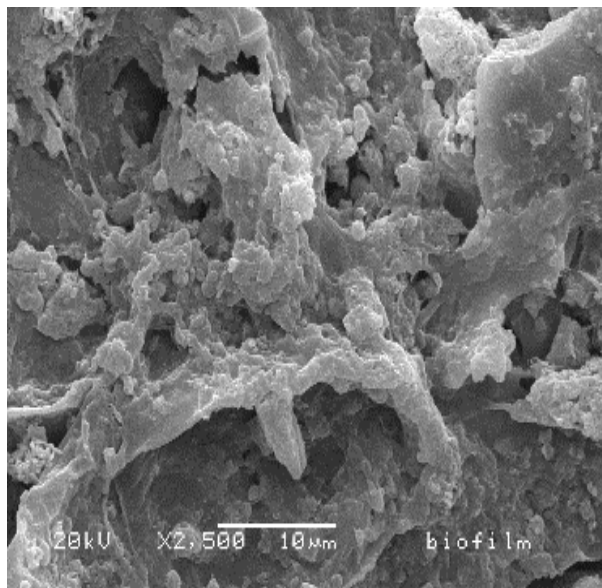


Figura 9. MEB de biopelícula formada sobre material PET a 60 días de operación del reactor.
Figure 9. MEB biofilm formed on PET material at 60 days of reactor operation.

El inóculo en suspensión al día 0 (figura 10) mostró secuencias pertenecientes a 8 Phylum, donde los dominantes fueron Bacteroidetes (38 %), Proteobacteria (20 %) y Firmicutes (19 %). Los otros Phylum presentes fueron Chloroflexi (5 %), Candidatus S. (5 %), Actinobacteria (3 %), Acidobacteria (2 %) y Pantomycetes (2 %).

De los cuales, a nivel de clase, la comunidad bacteriana estuvo constituido por: Gammaproteobacteria (10 %), Alphaproteobacteria (4 %), Betaproteobacteria (5 %) y, Deltaproteobacteria (1 %) que corresponden al Phylum Proteobacterias. Las clases dominantes en Bacteroidetes fueron: Sphingobacterias (24 %), Bacteroidia (11 %), Flavobacteriia (2 %), Cytophagia (1 %). En lo que se refiere a Candidatus S. la clase que se encontró fue Clostridia (19 %); así como Anaerolineae (19 %) correspondiente al Phylum Chloroflexi. De la tipificación anterior se generó la clasificación a nivel familia donde las predominantes fueron: Saprospiraceae (20 %), Clostridiaceae (13 %), Prolixibacteriaceae (6 %), Xanthomonadaceae (4 %), Marinilabiliaceae (4 %) y Anoelineaceae (4 %) entre otras en porcentajes más bajos.

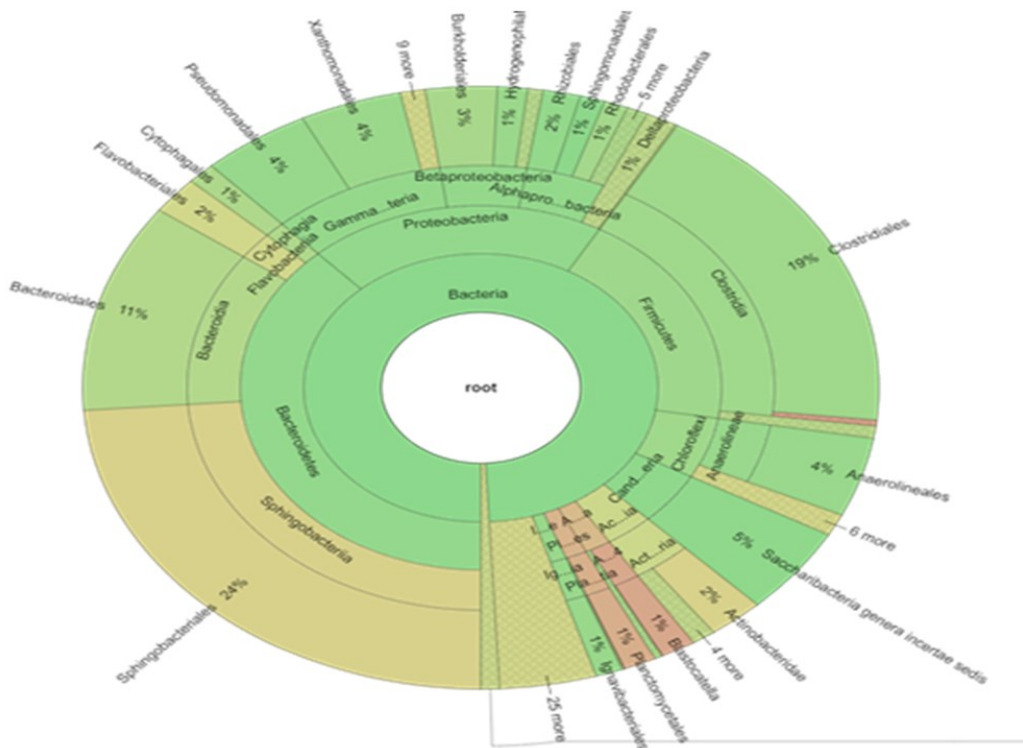


Figura 10. Estructura de la comunidad bacteriana del inóculo en suspensión. La abundancia se presenta en términos de porcentaje de la secuencia bacteriana efectiva total en la muestra.

Figure 10. Structure of the bacterial community of the inoculum in suspension. Abundance is presented in terms of percentage of the total effective bacterial sequence in the sample.

La fase reversible se observó durante las primeras semanas de la formación de la biopelícula, donde sólo algunas especies bacterianas tienen la capacidad de sobrevivir y/o reproducirse. Estas especies son las responsables de la formación de la matriz de exopolisacáridos.

La caracterización de las comunidades bacterianas durante esta etapa, al día 20, se muestran en la figura 11. Se encontró la presencia de 9 Phylum, siendo el grupo dominante Proteobacteria (37 %), seguido de Bacteroidetes (30 %) y en menor proporción se encontraron Firmicutes (3 %), Chloroflexi (4 %), Candidatus s. (2 %), Actinobacteria (1 %), Ignavibacteriae (1 %), Parcubacteria (1 %) y Verrucomicroba (1 %).

La clasificación de los Phylum dominantes a nivel de clase estuvo constituida por: Proteobacterias constituida por: Gammaproteobacteria (11%), Alphaproteobacteria (5%), Betaproteobacteria (14%) y Deltaproteobacteria (6%). Dentro de los Bacteroidetes se encontraron a: Springobacterias (21%) Bacteroidia (8%), Flavobacteriia (6%) y, Cytophagia (8%). Del Phylum Candidatus S. se encontró la clase: Clostridia (2%) y Anaerolineae (2%) del Phylum Chloroflexi.

Las clases se agruparon en orden taxonómico de clase encontrando, obteniendo las siguientes abundancias relativas para: Xanthomonadaceae (5%), Rhodocyclaceae (6%), Prolixibacteriaceae (3%), Marinilabiliaceae (4%), Cystobacteriease (7%), Saprospiraceae (18%), Chrysedinea (6%), Anoelineaceae (3%).

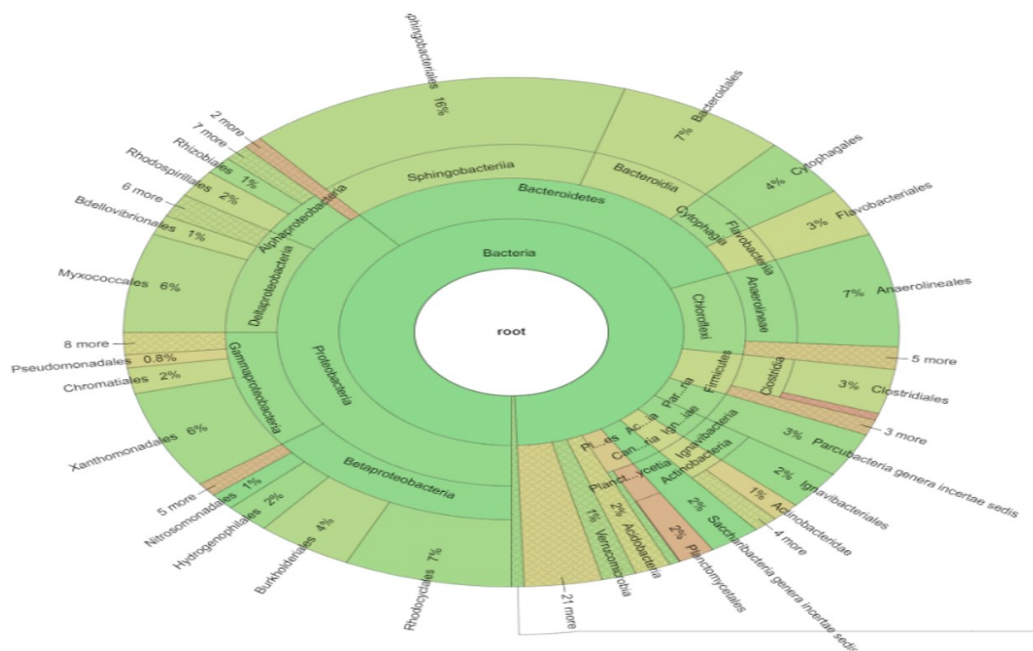


Figura 11. Estructura de la comunidad bacteriana día 20. La abundancia se presenta en términos de porcentaje de la secuencia bacteriana efectiva total en la muestra.

Figure 11. Structure of the bacterial community day 20. Abundance is presented in terms of percentage of the total effective bacterial sequence in the sample.

La identificación de consorcios bacterianos en la biopelícula durante la fase irreversible, a partir del día 120, se muestra en la figura 12. Se determinó el desarrollo de 11 Phylum: Bacteroidetes (30%), Proteobacterias (39%), Firmicutes (4%), Chloroflexi (9%), Candidatus s. (2%), Actinobacteria (2%), Acidobacteria (2%), Ignavibacteriiae (2%), Parcubacteria (3%), Verrucomicroba (1%). y Plantomomycetes (2%).

En la agrupación jerárquica a nivel clase se encontraron los siguientes grupos: Gammaproteobacteria (10%), Alphaproteobacteria (4%), Betaproteobacteria (15%) y Deltaproteobacteria (9%) que corresponden al Phylum Proteobacterias. De acuerdo con investigaciones señaladas por Arévalo-Arbeláez et al. (2017) estos tienden a ser los grupos más representativos para las Proteobacterias corresponde en distintas investigaciones en cuando se utiliza la biomasa para el tratamiento de agua.

Para los Bacteroidetes encontramos clases dominantes como: Sphingobacterias (16%), Bacteroidia (7%), Flavobacteriia (3%) y Cytophagia (4%). En lo que se refiere a Candidatus s. la clase que se encontró fue Clostridia (3%); así como Anaerolineae (3%) correspondiente al Phylum Chloroflexi.

La caracterización a nivel familia la abundancia relativa de Xanthomonadaceae (5%), Rhodocyclaceae (7%), Soranglineae (4%), Prolixibacteriaceae (4%) Saprospiraceae (16%), Anoelineaeceae (7%) y alrededor de otras 20 familias con menor porcentaje.



Figura 12. Estructura de la comunidad bacteriana al día 120. La abundancia se presenta en términos de porcentaje de la secuencia bacteriana efectiva total en la muestra.

Figure 12. Structure of the bacterial community at day 120. Abundance is presented in terms of percentage of the total effective bacterial sequence in the sample.

La figura 13 muestra el gráfico comparativo de la diversidad de comunidades bacterianas en las distintas etapas del sistema FBBR en base a la caracterización mostrada previamente.

Como se puede observar en las tres fases los grupos dominantes fueron Bacteroidetes y, Proteobacterias. La primera incrementó durante el día 20 y disminuyó al día 120; la segunda mostró un incremento continuo durante la operación del reactor. Firmicutes se mostró abundante en el inóculo y mostró una disminución; conforme al paso de tiempo de operación del sistema.

A partir del día 20 se observó la presencia de 3 Phylum que no se observaron de forma inicial en el inóculo que corresponde a Ignavibacteriae, Parcubacteria y Verrucomicrobia. Si bien su porcentaje es bajo, pueden considerarse como grupos clave debido a que estos Phylum presentan especies asociadas con la secreción de exopolisacáridos que conforman la matriz que consolida la formación de la biopelícula. Por tanto, estos grupos tienen un impacto no proporcional a su abundancia, teniendo consecuencias en cambios de la estructura bacteriana, adecuando o modificando el hábitat o bien influyendo en las interacciones del consorcio bacteriano. De forma similar otros Phylum son poco abundantes, pero son de mucha importancia para la degradación de materia orgánica. Tal es el caso de Actinobacteria, importantes acumuladores de fosfato (Erijman et al., 2011). Los géneros pertenecientes a la clase de las Alfabroteobacterias y Betaproteobacterias mostraron en abundancia en este estudio. Candidatus S. es otro ejemplo de Especie clave, asociadas a la reducción de niveles de fosfato en los afluentes (Zhang et al., 2011).

Los miembros de Chloroflexi juegan un papel ecológico en la degradación de carbohidratos y materiales celulares, por lo que son importantes en el tratamiento biológico de aguas, de aquí su presencia en todas las fases del sistema (Hu et al., 2012).

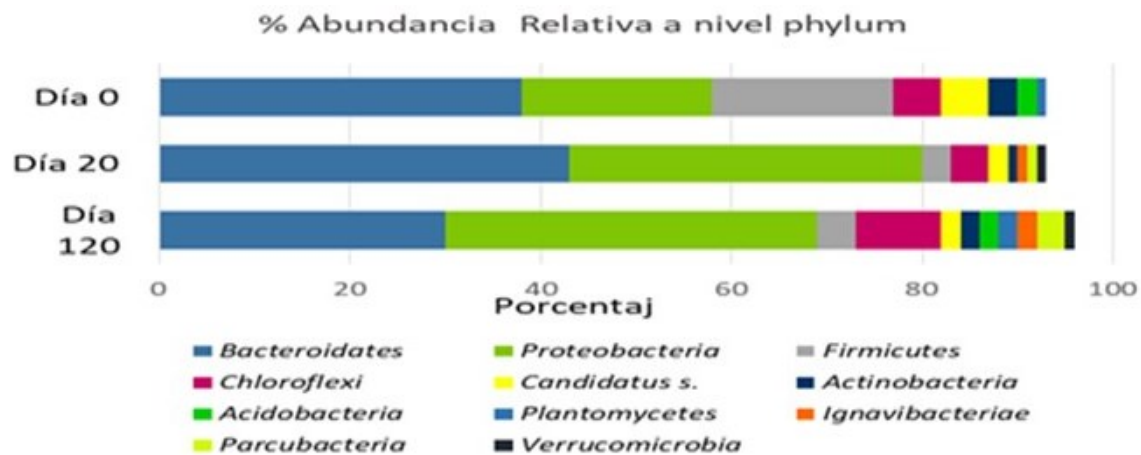


Figura 13. Estructura de comunidades bacterianas a nivel Phylum en diferentes fases del biorreactor para el tratamiento de aguas residuales domésticas. La abundancia se presenta en términos de porcentaje de la secuencia bacteriana efectiva total en cada muestra.

Figure 13. Structure of bacterial communities at the Phylum level in different phases of the bioreactor for the treatment of domestic wastewater. Abundance is presented in terms of percentage of the total effective bacterial sequence in each sample.

En cuanto la comparación taxonómica a nivel clase se muestra en la figura 14, se observó que la mayoría de los porcentajes de abundancia relativa se mantuvieron constantes a lo largo de las etapas del proceso. Se presentaron grupos con mayor variabilidad; como el incremento de la clase Deltaproteobacteria en la biopelícula con respecto de la población en al inóculo. Dicha tendencia ha sido reportada en la biopelícula formadas en otros procesos para el tratamiento de aguas residuales y continentales, así como en sedimentos marinos (Loera Muro et al., 2012). El mismo comportamiento se observó con las Betaproteobacteria, importantes en la biorremediación por su capacidad de fijar nitrógeno, oxidar amonio y producción de nitritos, haciendo simbiosis con Alphaproteobacteria. Otro grupo importante presente con una abundancia relativa fuerte y constante fueron las Gammaproteobacteria, asociada con géneros formadores de polisacáridos y glicocalix, y con la producción de Biosurfactantes (Valeriano-Zapana y Gonzales-Limache, 2016). Así mismo, se denota un aumento Sphingobacteria y Bacteroidia; reportadas como clases degradadoras de compuestos orgánicos tanto en ambientes acuáticos como terrestres. Finalmente, se observó una disminución de Clostridia y Anaerolineae (Ramón, 2010).

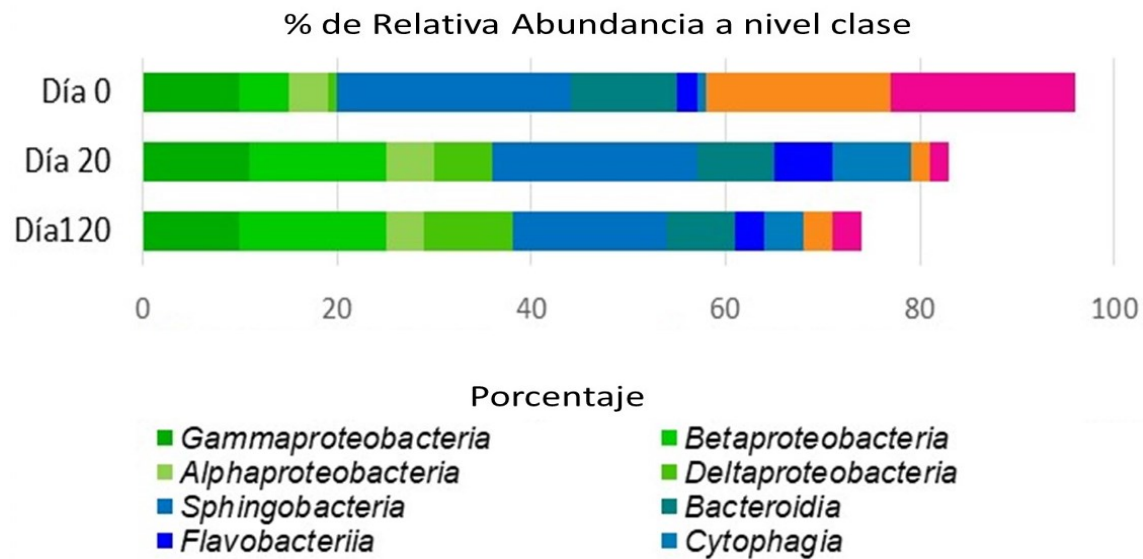


Figura 14. Estructura de comunidades bacterianas a nivel clase en diferentes fases del biorreactor para el tratamiento de aguas residuales domésticas. La abundancia se presenta en términos de porcentaje de la secuencia bacteriana efectiva total en cada muestra.

Figure 14. Structure of bacterial communities at class level in different phases of the bioreactor for the treatment of domestic wastewater. Abundance is presented in terms of percentage of the total effective bacterial sequence in each sample.

La comparación a nivel familia mostró a Porphyromonadaceae como familia dominante, asociada con la formación de la biopelícula con dos géneros Porphyromonas y Disgonomomas.

Se observó que Hydrogenophiceae presentó un aumento en la biopelícula, dentro de esta familia encontramos géneros como Thriobacillus, fijadores de sulfuro importante para el tratamiento de aguas residuales. Otras familias como Rhodomyclacea, Comomoncdacea y Nitrosomonadaceae no se encontraron en el inóculo inicial; sin embargo, se observó su presencia en las siguientes etapas, donde géneros como Zooglogea, se ven involucrados en la formación de flóculos y procesos de desnitrificación, mientras que Nitrobacter y Nitrosomas realizan procesos de nitrificación. Los altos niveles de nitrificación son característicos de procesos de lecho fijo (Bonilla et al., 2008).

Los resultados se demostraron que la estructura bacteriana se alteró como resultado de la modificación del nicho, donde un inóculo en suspensión dio origen a la formación de una biopelícula, a la cual pudieron adaptarse, la mayoría de las Poblaciones microbianas. Las poblaciones centrales como Proteobacterias, Bacteroidates y Firmicutes son las de mayor porcentaje de abundancia relativa para las tres fases. Los nuevos phylum caracterizados en las muestras de la biopelícula corresponden a Ignavibacteriae, Parcubacteria y Verrucomicrobia característicos por incluir géneros bacterianos productores de exopolisacáridos y por ende de la matriz polisacárido por tanto pueden considerarse como grupos clave para el desarrollo de la biopelícula.

La caracterización de la estructura bacteriana a lo largo de diferentes etapas en reactores y/o plantas de tratamiento de aguas, nos permite entender mejor estos procesos dinámicos de cambio en las comunidades bacterianas (Erijman et al., 2011) y relacionarlo a los cambios de distintos factores de operación. Es necesario ampliar el estudio de caracterización a nivel de género para una mejor asociación de las comunidades bacterianas con su función en este sistema.

Una biopelícula consiste en una variedad de especies adaptadas que conviven en un estado de simbiosis, por lo cual es necesaria mayor investigación sobre su formación y estructura para poder así tener procesos más

eficientes. Los resultados presentados en esta investigación pueden resultar útiles para el diseño y la elección del inóculo para los procesos de biopelícula en el tratamiento de aguas residuales.

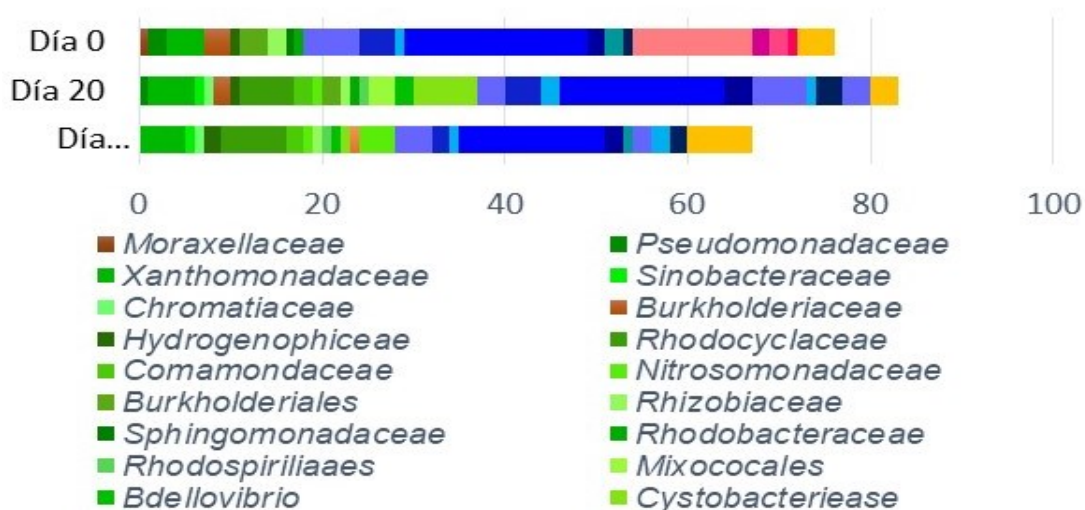


Figura 15. Estructura de comunidades bacterianas a nivel familia en diferentes fases del biorreactor para el tratamiento de aguas residuales domésticas. La abundancia se presenta en términos de porcentaje de la secuencia bacteriana efectiva total en cada muestra.

Figure 15. Structure of bacterial communities at the family level in different phases of the bioreactor for the treatment of domestic wastewater. Abundance is presented in terms of percentage of the total effective bacterial sequence in each sample.

4. Conclusiones

El material PET es un material factible para ser implementado como medio de soporte en reactores de lecho fijo, ya que permite la formación rápida y estable de la biopelícula, desarrollándose a partir de los primeros 7 días de operación. El material PET es un material ligero, reciclado y puede adaptarse a la forma de cualquier reactor biológico y aumenta la superficie de contacto de los microorganismos con la materia orgánica contenida en el agua residual.

Las bacterias en lodos en suspensión no solo tienen la capacidad de adaptarse para formar una biopelícula, sino que también pueden tratar agua residual doméstica en un menor tiempo de residencia.

El sistema FBBR implementado puede dar tratamiento a agua residual de acuerdo, a los niveles solicitados en la normativa mexicana en un tiempo menor a los alcanzados con sistemas convencionales y cumple con el tiempo estimado de tratamiento para el sistema de contacto total.

La aplicación de técnicas moleculares basadas en el biomarcador 16S ARNr permitió identificar que comunidades bacterianas están activas en determinadas etapas del sistema FBBR (inóculo en suspensión, durante la formación de la biopelícula y en la biopelícula estable). Este sistema permite el desarrollo de Phylum, que no se detectan en el inocuo inicial, ya que se encuentran en una proporción muy pequeña. Las poblaciones centrales como Proteobacterias, Bacteroidetes y Firmicutes son las de mayor porcentaje de abundancia relativa para las tres fases. Los nuevos Phylum caracterizados en la biopelícula incluyen géneros bacterianos productores de exopolisacáridos para la formación de una matriz, por tanto, pueden considerarse como grupos clave para el desarrollo de la biopelícula.

5. Información adicional

No.


6. Agradecimientos

El trabajo descrito en este artículo está financiado parcialmente por el proyecto Fondo de Fortalecimiento Institucional (FOFI-UAQ 2018) de la Universidad Autónoma de Querétaro, México, con número de registro FIN -2018-18.

ORCID de los autores


Erandy Mirell Zúñiga Hernández ²

Miguel Ángel Ramos López ²  [0000-0002-7105-5039](https://orcid.org/0000-0002-7105-5039)

Carlos Eduardo Zavala Gómez ²  [0000-0002-9416-0608](https://orcid.org/0000-0002-9416-0608)

Juan Campos Guillén ²  [0000-0001-7117-6781](https://orcid.org/0000-0001-7117-6781)

Janet Ledesma García ¹  [0000-0002-0677-4280](https://orcid.org/0000-0002-0677-4280)

Luis Gerardo Arriaga Hurtado ³  [0000-0001-5052-2294](https://orcid.org/0000-0001-5052-2294)

Aldo Amaro Reyes ²  [0000-0001-6520-5742](https://orcid.org/0000-0001-6520-5742)

Diana Issell Sandoval Cárdenas ²  [0000-0003-1470-2284](https://orcid.org/0000-0003-1470-2284)

José Alberto Rodríguez Morales ¹  [0000-0002-4532-9665](https://orcid.org/0000-0002-4532-9665)

Declaración de contribución autoral

Los autores declaran que contribuyeron por igual para la realización de esta investigación.

Declaración de conflicto de interés

Los autores declaran que no existe conflicto de interés.

Cómo citar

Zúñiga Hernández, E. M., Ramos López, M. A., Zavala Gómez, C. E., Campos Guillén, J., Ledesma García, J., Arriaga Hurtado, L. G., Amaro Reyes, A., Sandoval Cárdenas, D. I., y Rodríguez Morales, J. A. (2023). Caracterización de comunidades bacterianas establecidas en un reactor biológico fijo para el tratamiento de efluentes domésticos. *Nova Scientia*, 31(15), 1-24. <https://doi.org/10.21640/ns.v15i31.3095>

Referencias

- Arévalo-Arbeláez A.J., Bedoya-Urrego K., Cabarcas-Jaramillo F., y Alzate-Restrepo J.F (2017) Descripción del microbiota bacteriano residente en el biosólido generado en la planta de tratamiento de aguas residuales San Fernando. Itagüí, Colombia. *Revista De Salud Pública* 6(19). <https://doi.org/10.15446/rsap.v19n6.67950>
- Bonilla-Rosso G., Souza V., y Eguiarte L.E. (2008). Metagenómica, Genómica y Ecología Molecular: La Nueva Ecología en el Bicentenario de Darwin *Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*, Universidad Nacional Autónoma de México 1(11): 41-51p. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=25174>
- Bou G., Fernández-Olmos A., García C., Sáez-Nieto J.A., y Valdez S. (2011). Métodos de Identificación Bacteriana en el Laboratorio de Microbiología. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica* 29(8): 601-608p. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>
- Cárdenas-Manríquez, M., Young, R., Semple, K., Li, C., Coy, D., Underwood, E., Siddique, T., Guigard, S., Bressler, D., Gupta, R., y Foght, J. (2020). Microbially-mediated de-watering and consolidation (“Biodensification”) of oil sands mature fine tailings, amended with agri-business by-products. *Nova Scientia*, 12(24). <https://doi.org/10.21640/ns.v12i24.2243>
- Comăniță, E. D., Hlihor, R. M., Ghinea, C., y Gavrilescu, M. (2016). Ocurrence of Plasctic Waste in the Enviroment: Ecological and Healt. *Environmental Engineering & Management Journal (EEMJ)*, 15(3).

- Comisión Nacional del Agua (CONAGUA) 2016. Estadísticas del agua en México. Disponible en: http://www.agua.unam.mx/assets/pdfs/novedades/EstadisticasdelAguaMexico2016_CONAGUA.pdf. Consultado julio 2019.
- Crombet S., Abalos-Rodríguez A., Rodríguez-Pérez S., y Pérez-Pompa N. (2016) Evaluación del tratamiento anaerobio de las aguas residuales de una comunidad universitaria. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 8(1) 49-56p. <http://dx.doi.org/10.15446/rev.colomb.biote.v18n1.57715>.
- Cydzik-Kwiatkowska, A., y Zielińska, M. (2016). Bacterial communities in full-scale wastewater treatment systems. *World J. Microbiolgy Biotechnolgy* 32(66). [10.1007/s11274-016-2012-9](https://doi.org/10.1007/s11274-016-2012-9)
- Erijman, L., Figuerola E. L. M., Guerrero, L., y Ayarza J. (2011). Impacto de los recientes avances en el análisis de comunidades microbianas sobre el control del proceso de tratamiento de efluentes. *Revista Argentina de Microbiología* 43: 127-135p. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=213019228011>
- Gagliano M.C., Ismail S.B., Stams A.J.M., Plugge C.M., Temmink H., y Van Lier J.B. (2017). Biofilm formation and granule properties in anaerobic digestion at high salinity. *Water Research*. 121: 61-71p. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2017.05.016>
- González-Brambila M. y López-Insunza F. (2018) Membrane-Attached biofilm reactor behavior under different flow rate conditions in the treatment of a synthetic wastewater. *Revista Mexicana de Ingeniería Química* 3 (7), 183-193p. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/260764931_Comportamiento_de_un_reactor_de_biopelícula_para_tratamiento_de_agua_residual_a_diferentes_velocidades_de_flujo
- Gutiérrez Tlahque, J., Santiago Sáenz, Y., Hernández Fuentes, A., Pinedo Espinoza, J., López Buenabad, G., y López Palestina, C. (2019). Influencia de los métodos de cocción sobre la actividad antioxidante y compuestos bioactivos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). *Nova Scientia*, 11(22), 53-68. <https://doi.org/10.21640/ns.v11i22.1685>
- Kaplan, J. B., Ragunath, C., Ramasubbu, N., y Fine, D. H. (2003). Detachment of *Actinobacillus actinomycetemcomitans* biofilm cells by an endogenous β -hexosaminidase activity. *Journal of bacteriology*. 185(16), 4693-4698.
- Lapo B., Muñoz M., Romero H., Pozo M., y Ayala M. (2014) PET and PP used as a means of fixed biofilm growth applied to aerobic treatment of domestic wastewater. *Congreso Brasileño de Ingeniería Química*. [10.5151/chemeng-cobeq2014-0005-27668-156527](https://doi.org/10.5151/chemeng-cobeq2014-0005-27668-156527)
- Mahendran B., Lishman L., y Liss S.N. (2012). Structural, physicochemical and microbial properties of flocs and biofilms in integrated fixed-film activated sludge (IFFAS) systems. *Water Research* 46: 5085-5101p. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2012.05.058>
- Mendoza Burguete M. Y. (2016) Acoplamiento de un sistema biológico aerobio y un proceso avanzado de oxidación para el tratamiento de un efluente acuoso (Tesis Maestría en Ciencia y Tecnología Ambiental). Universidad Autónoma de Querétaro. México. 72p.
- Mieczkowski D., y Cydzik-Kwiatkowska A. (2016). Temperature-induced changes in treatment efficiency and microbial structure of aerobic granules treating landfill leachate. *World J Microbiol Biotechnol* 32:91. [10.1007/s11274-016-2046-z](https://doi.org/10.1007/s11274-016-2046-z)
- Moreno-Andrade y Buitrón G. (2008). Biodegradación Óptima de Compuestos Fenólicos en un Reactor Discontinuo Secuencial. *BioTecnología* 2(12). Disponible en: Biodegradación Óptima de Compuestos Fenólicos en un Reactor Discontinuo Secuencial.
- Nava Urrego, L. M., Gasperín Sánchez, R., y Durán Moreno, A. (2014). Comparación de un reactor de biomasa suspendida y un reactor de biomasa adherida para la biodegradación de compuestos tóxicos presentes en aguas residuales de refinerías de petróleo. *Revista internacional de contaminación ambiental*, 30(1), 101-112. Disponible en: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0188-49992014000100009

- Olarte-Avellaneda S., y Cristiano Sánchez J. (2012) Aplicación de microorganismos asociados a biopelículas. Revista Logos Ciencia & Tecnología 4. 153-163p. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/5177/517751763012.pdf>
- Ramón, V. L. (2010). Infraestructura sustentable: las plantas de tratamiento de aguas residuales. Quivera. Revista de Estudios Territoriales, 12(2), 58-69. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/401/40115676004.pdf>.
- Romero Toledo, R., Ruiz Santoyo, V., Anaya Esparza, L., Pérez Larios, A., y Martínez Rosales, M. (2019). Study of arsenic (V) removal of water by using agglomerated alumina. Nova Scientia, 11(23), 01 - 25. <https://doi.org/10.21640/ns.v11i23.1665>
- Torres-Lozada, P., Vásquez-Sarria, N. V. S., Pérez-Vidal, A., Madera-Parra, C. A., y Rodríguez-Victoria, J. A. (2011). Alternativas de tratamiento biológico aerobio para el agua residual doméstica del municipio de Cali, Colombia. Afinidad, 68(555).
- Valeriano-Zapana J.A., y Gonzales-Limache E. (2016). Caracterización de bacterias halófilas aisladas de un sistema de tratamiento de lodos activados del terminal petrolífero Almirante Barroso Sao Paulo, Brasil. Revista ciencia y tecnología 2(3): 23-60. <http://dx.doi.org/10.37260/rctd.v2i3.36>
- Vigueras-Carmona, Zafra-Jiménez G., García-Rivero M., Martínez-Trujillo M.A., y Pérez-Vargas J. (2013). Efecto Del Pretratamiento Sobre La Biodegradabilidad Anaerobia Y Calidad Microbiologica De Lodos Residuales. Revista Mexicana de Ingeniería Química 2 (12): 293-301p. Disponible en: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1665-27382013000200009.
- Wang X., Zhang Y., Wen X., Xia Y., Hu M., Zhaofang, y Ding K. (2012). Real-time PCR quantification of the population dynamics of ammonia-oxidizing bacteria in a pilot-scale wastewater treatment plant. Biochemical Engineering Journal 66: 61-65p. <https://doi.org/10.1016/j.bej.2012.04.015>
- Welter, A. B., Romero, J. M., Grumelli, Y. A., Sanchez, J. A., y Ascar, G. I. (2005). La biopelícula en los procesos RBC. Camino a Alta Gracia Km 10 – 5000 – Córdoba.: Universidad Católica de Córdoba, Campus Universitario, Facultad de Ingeniería.
- Xia Y., Wang X., Wen X., Ding K., Zhou J., Yang Y., y Yu Z. (2014). Overall functional gene diversity of microbial communities in three full-scale activated sludge bioreactors. Applied Microbiology and Biotechnology 98(16): 7233-7242p. [10.1016/j.jbiosc.2014.02.017](https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2014.02.017)