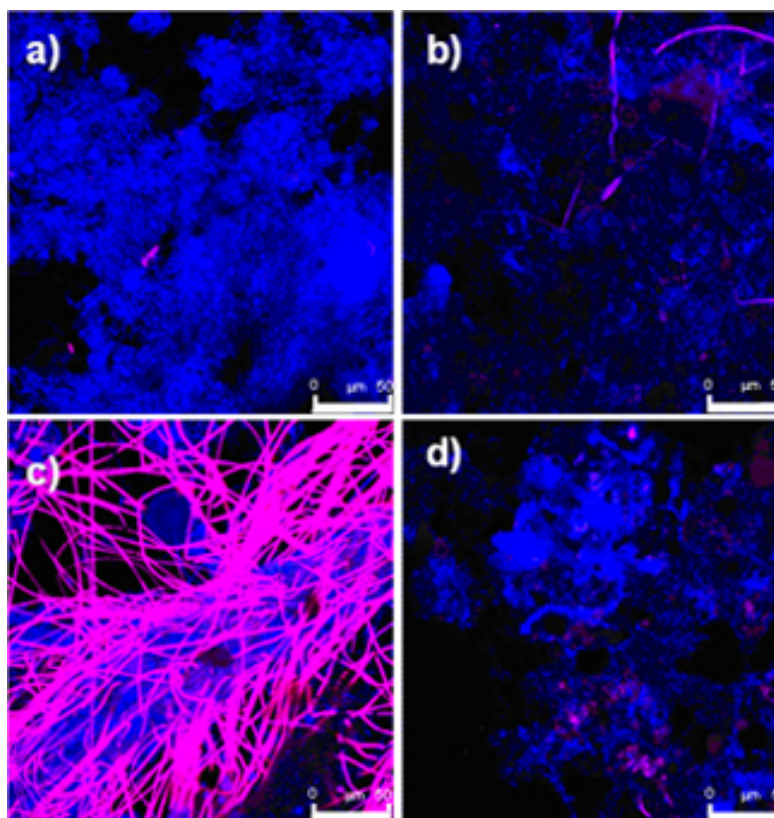


01/2012

Conociendo los microorganismos que depuran el biogás



La crisis de los combustibles fósiles está aumentando la importancia del biogás como fuente de energía alternativa. Para poder ser utilizado, sin embargo, debe ser depurado de los compuestos contaminantes que lleva la corriente gaseosa emergente de las plantas de tratamiento de residuos sólidos y líquidos que lo generan. Entre estos contaminantes encontramos en especial abundancia los compuestos reducidos de azufre como el sulfuro de hidrógeno que, en determinadas concentraciones corroe los motores que usan biogás y puede ser mortal. Los biofiltros percoladores son una alternativa eficiente, sostenible y económica a los procesos fisicoquímicos para el filtrado de la corriente

gaseosa, pero los microorganismos que componen el filtro encargado de degradar los contaminantes son aún muy poco conocidos. Investigadores de la UAB han hecho un estudio y han aportado las técnicas para abordar este asunto.

El biogás está tomando importancia como fuente de energía alternativa sobre todo debido a la crisis de los combustibles fósiles (con restricciones tanto ambientales como de disponibilidad). Además, también está creciendo la creación de nuevas plantas de tratamiento de residuos sólidos y líquidos (plantas de biometanización) donde se produce y se reutiliza este gas. Las corrientes de biogás generadas, sin embargo, contienen compuestos corrosivos como los compuestos reducidos de azufre. Uno de los más frecuentes y abundantes es el sulfuro de hidrógeno (H_2S) que, además de ser un gas mortal a concentraciones por debajo de las que se suele encontrar en las corrientes de biogás, corroe, en concentraciones aún menores, los motores que utilizan biogás para generar energía eléctrica. Así pues, hay que desulfurarlo.

Los biofiltros percoladores son bioreactores que recientemente han demostrado ser una alternativa a los procesos físico-químicos para la desulfuración de corrientes de biogás pero que se usan para el tratamiento de emisiones gaseosas en general. Los contaminantes son transferidos desde la corriente gaseosa a una biopelícula, donde son degradados de manera eficiente, sostenible y económica para una comunidad microbiana, generalmente compleja, que crece adherida sobre un material de apoyo. El conocimiento de las comunidades microbianas que forman estas biopelículas es aún muy precario, en particular en biofiltros percoladores en los que el objetivo del tratamiento es la desulfuración de corrientes gaseosas con alto contenido energético, como es el caso del biogás o el gas natural. Ambos gases contienen cantidades importantes de sulfuro de hidrógeno que, como ya hemos dicho, debe ser eliminado de la corriente de gas antes de su combustión para evitar la corrosión de los motores y emisiones de productos nocivos como óxidos de azufre.

En este trabajo, investigadores de la UAB estudian la estructura espacial y la dinámica de las poblaciones de microorganismos responsables de la desulfuración de biogás en un biofiltro percolador a escala laboratorio mediante el uso de dos herramientas moleculares basadas en la utilización del 16S rRNA (parte del ribosoma de las bacterias) contenido en el ADN de los microorganismos. Por un lado, la Clonación y Secuenciación (CS) permitió crear librerías de clones, identificar las principales especies de microorganismos responsables de la oxidación del sulfuro de hidrógeno (SOB) que colonizaban el reactor y seleccionar las sondas con diana en el 16SrRNA de las principales especies de SOB identificadas. Por otra parte, la Hibridación In Situ con Fluorescencia (FISH) permitió cuantificar de manera relativa la evolución de estas especies a lo largo del tiempo ya lo largo del espacio del reactor. Las librerías de clones se realizaron los días 42 y 189 tras la puesta en marcha del reactor, mientras que el seguimiento por FISH se realizó en muestras extraídas del reactor los días 0, 105, 189 y 229 de operación. A lo largo del período operacional se sucedieron diferentes cambios en las condiciones de operación con el fin de relacionar el efecto de estas condiciones con la evolución de las poblaciones de microorganismos presentes en el sistema.

Los resultados de las librerías de clones mostraron como la CS es una herramienta que permite

la descripción de la diversidad de la mayoría de especies que colonizan el reactor y que esta diversidad va disminuyendo a lo largo del tiempo de operación del reactor debido a la presión ambiental a que se ve sometida la comunidad microbiana por las estrictas condiciones de operación del reactor. Bacterias SOB los géneros *Thiomonas*, *Thiobacillus*, *Thiotrix* fueron las más representativas a lo largo del periodo estudiado aunque con abundancias relativas muy diferentes. El seguimiento por FISH, como el ejemplo mostrado en la figura, permitió formular diversas hipótesis en torno a la variabilidad en la abundancia relativa de las especies monitorizadas, las cuales se fundamentan principalmente con la diferente disponibilidad de oxígeno disuelto a lo largo del tiempo y de la altura del biofiltro percolador.

En general, este estudio demuestra cómo la combinación de las herramientas moleculares CS y FISH permiten establecer relaciones entre la diversidad filogenética con las condiciones de operación de biofiltros percoladores.

David Gabriel

david.gabriel@uab.cat

Referencias

"Bacterial community analysis of a gas-phase biotrickling filter for biogas mimics desulfurization through the rRNA approach". Maestre J.P., Rovira R., Alvarez-Hornos F.J., Fortuny M., Lafuente J., Gamisans X., Gabriel D. Chemosphere. 2010 Agosto; 80(8):872-80.

[View low-bandwidth version](#)