



Casa abierta al tiempo

**UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA-IZTAPALAPA**  
DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD

DEPARTAMENTO: BIOTECNOLOGÍA

Marzo 20, 2026.

**DRA. EDITH ARENAS RÍOS**  
**PRESIDENTA DEL CONSEJO DIVISIONAL**  
**P R E S E N T E**

Los miembros de la **Comisión Encargada de Revisar las Solicitudes para adquirir Nuevamente la Calidad de Alumno**, con base en el artículo 49 del Reglamento de Estudios Superiores, a nivel posgrado, después de haber analizado la documentación correspondiente, emitimos el siguiente:

**D I C T A M E N**

**ÚNICO:** Se recomienda al Consejo Divisional sea aceptada como alumna a:

**Nombre: M. en C. Laura Martínez Montiel**

**Posgrado: Doctorado en Biotecnología**

**Matrícula: 2123800664**

**Otorgar prórroga de: Tres trimestres**

**A partir del trimestre: 26-P**

para concluir sus estudios y obtener el grado correspondiente.

**A t e n t a m e n t e .**  
**CASA ABIERTA AL TIEMPO**

**UNIDAD IZTAPALAPA**

Av. San Rafael Atlixco N0 186, Col. Vicentina, Iztapalapa, C.P. 09340, México, D.F., A.P. 55-535



Casa abierta al tiempo

## **UNIVERSIDAD AUTONOMA METROPOLITANA-IZTAPALAPA**

DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD

### **DEPARTAMENTO: BIOTECNOLOGÍA**

HOJA 2/2 DEL DICTAMEN DE LA COMISIÓN ENCARGADA DE REVISAR LAS SOLICITUDES PARA ADQUIRIR NUEVAMENTE LA CALIDAD DE ALUMNO (A).

**M. en C. Laura Martínez Montiel**

**Matrícula: 2123800664**

**Doctorado en Biotecnología**

### **MIEMBROS DE LA COMISIÓN**

---

**DRA. MA. DE LOURDES PÉREZ CHABELA**

Jefa del Departamento de Biotecnología

---

**DR. JAVIER BARRIOS GONZÁLEZ**

Representante Académico del  
Departamento de Biotecnología

---

**SR. ALFONSO MORALES HUERTA**

Representante Alumno del  
Departamento de Biotecnología

### **ASESOR**

---

**DR. HÉCTOR BERNARDO ESCALONA BUENDÍA**

Coordinador del Posgrado en Biotecnología

### **COORDINADORA**

---

**DRA. MARÍA DEL CARMEN FAJARDO ORTIZ**

**UNIDAD IZTAPALAPA**

Av. San Rafael Atlixco N0 186, Col. Vicentina, Iztapalapa, C.P. 09340, México, D.F., A.P. 55-535

Ciudad de México a 05 de marzo de 2026

Asunto: Solicitud de recuperación de calidad de alumna

**Dra. Edith Arenas Ríos**

Presidente del Consejo Divisional de Ciencias Biológicas y de la Salud

Por medio de la presente, yo Laura Martínez Montiel, con número de matrícula 2123800664, me dirijo a usted de la manera más atenta para solicitar la recuperación de mi calidad de alumna del Doctorado en Biotecnología.

Dicha solicitud tiene como finalidad contar con el tiempo necesario para concluir los trámites administrativos y realizar la Disertación Pública para la obtención del Grado académico de Doctora en Biotecnología. El estado actual de mi investigación es concluido y cuenta con la revisión y aprobación de mi Comité Tutorial integrado por los Doctores Gerardo Saucedo Castañeda (UAM-I), Francisco José Fernández Perrino (UAM-I) y Luis Raúl Tovar Gálvez (CIEMAD-IPN).

Sin más por el momento, agradezco de antemano su atención y quedo a la espera de su resolución.

Atentamente:



M. en C.  Martínez Montiel

Ciudad de México a 9 de marzo de 2026

Asunto: Solicitud de prórroga para la presentación de disertación pública


**Dra. Edith Arenas Ríos**

Presidenta del Consejo Divisional de Ciencias Biológicas y de la Salud

Por medio de la presente, quienes suscribimos, nos dirigimos a usted de la manera más atenta para que Laura Martínez Montiel perteneciente al Doctorado en Biotecnología con número de matrícula 2123800664 pueda recuperar su calidad de alumna del posgrado, para realizar la Disertación Pública para la obtención del Grado académico de Doctora en Biotecnología. El estado actual de su tesis cuenta con la aprobación de este Comité Tutorial para dicho fin.

Sin más por el momento, agradecemos de antemano su atención y quedamos a la espera de su resolución.

**Atentamente  
Comité Tutorial**

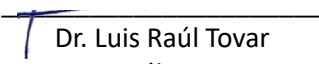


---

Dr. Gerardo Saucedo  
Castañeda  
UAM-I

---

Dr. Francisco José Fernández  
Perrino  
UAM-I



---

Dr. Luis Raúl Tovar  
Gálvez  
CIEMAD-IPN



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA
Unidad Iztapalapa

Constancia 1
Hoja 1

SITUACION ACADEMICA - ESCOLAR PARA SOLICITAR
PRORROGA ANTE EL CONSEJO DIVISIONAL (ART. 49 R.E.S.)

Nombre del alumno : MARTINEZ MONTEIEL LAURA Matricula : 2123800664

División : CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD Nivel: DOCTORADO
Plan de estudios : BIOTECNOLOGIA

Estado actual del alumno : BAJA REGLAMENTARIA
Motivo de baja : ART. 19 FRACC. III RES VENCIMIENTO DEL PLAZO MAXIMO
Trimestre de baja : 24P (15/Jul/2024 al 04/Oct/2024)
Ultimo trimestre de reinscripción : 24I (05/Mar/2024 al 31/May/2024)
Ultimo trim. con actividad académica : 23O (13/Nov/2023 al 16/Feb/2024)
Créditos del nivel : 361 trescientos sesenta y uno
Créditos cubiertos : 226 doscientos veintiséis
Créditos a cubrir : 135 ciento treinta y cinco
Porcentaje de créditos cubiertos : 62.6 % Porcentaje de créditos a cubrir: 37.4 %

Table with 5 columns: Nivel, Nombre, Créditos: A cubrir (Obl, Opt, Tot), Cubiertos (Obl, Opt, Tot), No cubiertos (Obl, Opt, Tot). Rows include DOCTORADO (HASTA TRABAJO EXPERIMENTAL IX), PUBLICATION, EXAMEN PREDOCTORAL, and DISERTACION PUBLICA DE LA TESIS.

Se muestra la historia académica vigente a continuación

Table with 5 columns: No. UEA, Gpo./Jdo., Descripción, Créd., Eval. Trim., Cal. Lists 11 UEA courses from BP61G to BX61F.

Se muestra la historia académica anterior a continuación:

Table with 5 columns: No., UEA, Grupo, Descripción, Cred. Eval. Trim. Cal. Shows 1 UEA course: BO61F SEMINARIO DE REVISION BIBLIOGRAFICA Y PROYECTO EXPERIMENTAL.

Se muestra la correspondencia entre las reglas origen y destino:

Table with 7 columns: <<, No. Con., UEA, REGLAS, ORIGEN, >> <<, No. Con., UEA, REGLAS, DESTINO, >>. Shows correspondence between UEA 2336049 and 2337023.

Table with 5 columns: No., UEA, Gpo./Jdo., Descripción, Créd. Eval. Trim. Cal. Lists 11 UEA courses under 'UEA Aprobadas'.

Requisitos que adeuda para concluir el nivel

Table with 2 columns: Requisito, Créditos. Lists PUBLICATION (45), EXAMEN PREDOCTORAL (45), and DISERTACION PUBLICA DE LA TESIS (45).



Casa abierta al tiempo

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA**  
**Unidad Iztapalapa**

Constancia 1  
Hoja 2

**SITUACION ACADEMICA - ESCOLAR PARA SOLICITAR  
PRORROGA ANTE EL CONSEJO DIVISIONAL (ART. 49 R.E.S.)**

Nombre del alumno : MARTINEZ MONTEIEL LAURA Matrícula : 2123800664

No. UEA Grupo Créditos Eval. Trim. Cal.

El Plan de Estudios no cuenta con créditos optativos.

Las siguientes cantidades son obtenidas únicamente en base a las ueas que contiene el plan de estudios del alumno.

Unidades de Enseñanza Aprendizaje aprobadas con MB : 9  
Unidades de Enseñanza Aprendizaje aprobadas con B : 2

Considerando la equivalencia numérica del sistema de calificación de la Universidad, determinada mediante el acuerdo 91.8 del colegio académico, donde se establece que MB=10.0, B=8.0, S=6.0 y NA(No acreditada) Carece de equivalencia numérica; se señala que el alumno tiene un promedio de: 9.6

-----  
OBSERVACIONES:

**ADEUDA 135 CREDITOS: 45 CREDITOS POR UNA PUBLICACION, 45 CREDITOS POR UN EXAMEN  
-----PREDOCTORAL Y 45 CREDITOS POR LA PRESENTACION Y DEFENSA DE UNA TEISIS EN DISERTACION PUBLICA.**

A solicitud de la interesada y para los fines que estime conveniente, se extiende la presente en la Ciudad de México a los diez días del mes de marzo del año dos mil veintiseis.

Atentamente  
Casa abierta al tiempo

*P. J. R.*  
**MTRO. J. JESÚS MARIA ZAVALA RUIZ**  
COORDINADOR DE SISTEMAS ESCOLARES



## a. Datos Personales

**Fecha de nacimiento:** 07 de abril de 1986

**Lugar de nacimiento:** Santiago Chazumba, Oaxaca

**Teléfono móvil:** 55-1434-3230

**Correo electrónico:** laurammontiel@gmail.com, lauramm@quimica.unam.mx

**Dirección:** Azafrán 565 Int. C102, Col. Granjas México, Iztacalco 08400, CDMX

## b. Formación académica

### **Ingeniería Bioquímica.**

Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Instituto Politécnico Nacional. Cédula Profesional 603161

### **Maestría en Ciencias en Biomedicina y Biotecnología Molecular.**

Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Instituto Politécnico Nacional. Cédula Profesional 11481493

## c. Dominio de idiomas

Inglés 80% (lee), 70% (escribe) 60% (habla)

## d. Experiencia docente

- **Secretaría de Educación Pública** (2011). Centro de Estudios Industriales y de Servicios No. 57. Profesor Titular Interino de las especialidades de Técnico Laboratorista Químico y Técnico en Enfermería. *Asignaturas:* Preparar instrumental y equipo de laboratorio de acuerdo con procesos estandarizados, Manejar reactivos para las operaciones básicas de laboratorio, Analizar distintos tipos de agua con métodos fisicoquímicos y muestras ambientales para la detección de contaminantes, Elaborar productos con estándares de producción, Aplicar operaciones unitarias en procesos industriales y Probabilidad y estadística.
- **Instituto Politécnico Nacional** (2011-2012). Centro de Estudios Científicos y Tecnológicos No. 10 «Carlos Vallejo Márquez» Profesor Titular Interino de la especialidad de Técnico en Diagnóstico y Mejoramiento Ambiental. *Asignaturas:* Manejo de residuos, Investigación y desarrollo de proyectos ambientales, Monitoreo y contaminantes atmosféricos, Calidad del aire y Ciencias ambientales.
- **Universidad Tecnológica de México** (2014-2015). Profesor Titular. Academia de Ciencias, Preparatoria. *Asignaturas:* Biología I, Tecnología I y Tecnología II. (2016-2017). Profesor Titular. Licenciatura en Gastronomía. *Asignatura:* Microbiología, higiene y normatividad.
- **Universidad Anáhuac México** (2017-2025). Facultad de Ciencias de la Salud. Licenciatura en Biotecnología. *Asignaturas:* Biotecnología agroalimentaria, Fitopatología, Tecnología vegetal, Biotatálisis y biorreactores y Fitopatología.
  - Colegio de Química – Presidenta (2019-2025).
  - Consejo de la Licenciatura en Biotecnología – Miembro (2018-2025).
  - Comité de Bioseguridad – Presidenta (2020-2025).
  - Academia de Educación de Ciencias de la Salud. Secretaria. (2024-2025)

- ❖ Elaboración y actualización de manuales de prácticas de laboratorio. Asignaturas: Tecnología Vegetal, Fitopatología, Biocatálisis y Biorreactores y Biotecnología Agroalimentaria (2018 a 2025).
- ❖ Actualización de programas de asignatura para el Plan 2020 de la Licenciatura. Asignaturas: Fitopatología, Biotecnología agroalimentaria, Tecnología vegetal y Biocatálisis y biorreactores.
- ❖ Elaboración de los programas de asignatura para el Plan 2020 de la Licenciatura en Biotecnología de la Universidad Anáhuac Mérida. Asignaturas Regionales: Biotecnología tradicional maya y Biotecnología marina.
- ❖ Promoción Preuniversitaria. *Actividades:* acercamiento al plan de estudios de la Licenciatura, atención de aspirantes y padres de familia en desayunos, comidas, visitas guiadas, y llamadas telefónicas; tallerista en colegios *meta* fuera de la CDMX, tallerista en *Días OV* y en el *Bootcamp* (2021 a 2025).
- ❖ Participación activa en la elaboración de la autoevaluación durante la acreditación de la Licenciatura ante Comités Interinstitucionales para la Evaluación de la Educación Superior CIIES (2021).
- ❖ Participación activa como Síndico durante las disertaciones del Programa de evaluación externa de la Licenciatura en Biotecnología para la obtención del Título de Licenciatura en Biotecnología (2019 a 2025).
- ❖ Participación activa en el proceso de acreditación por la federación Latinoamericana de Simulación Clínica (FLASIC) para la acreditación del Centro Anáhuac de Simulación Clínica (2024).

## e. Experiencia en investigación

### Proyectos de investigación

Caracterización fisicoquímica y microbiológica de huevos funcionales comercializados en el Distrito Federal, clave CGPI 20050353. Laboratorio de Investigación en Alimentos. ENCB-IPN (2005).

Estudio comparativo de diferentes cubiertas en la conservación de las características de frescura en huevo entero, clave SIP-20060059. Laboratorio de Investigación en Alimentos, Tesis de licenciatura. ENCB-IPN (2006).

Elaboración de una Pasta Nutritiva a Base de Pulpa de Fruta y Derivados Lácteos. Planta Piloto de Productos Lácteos. Departamento de Ingeniería Bioquímica. ENCB-IPN (2007).

Elaboración de Leche Fermentada Probiótica. Planta Piloto de Productos Lácteos. Departamento de Ingeniería Bioquímica. ENCB-IPN (2007).

Aislamiento e identificación de microorganismos con actividad enzimática hidrolítica extracelular y su uso potencial en el proceso de compostaje, como parte de los proyectos claves SIP-20080800, SIP-20090599, SIP-20100905. Laboratorio de Microbiología Agrícola. Departamento de Microbiología. Tesis de maestría, ENCB-IPN (2009-2011).

Caracterización de Residuos Sólidos Urbanos de la Ciudad de Guadalajara. Convenio Abengoa SA de CV-Universidad Autónoma Metropolitana (2013-2014).



Caracterización de Agave tequilero y residuos provenientes de elaboración de Tequila de la Ciudad de Guadalajara, Jalisco. Convenio Abengoa SA de CV - Universidad Autónoma Metropolitana (2014).

Análisis respirométrico y molecular de las comunidades microbianas involucradas en un proceso de fermentación en medio sólido usando composta como soporte y fuente de microorganismos. Proyecto financiado por: Universidad Autónoma Metropolitana, Secretaría de Ciencia y Tecnología del D.F., Centro Interdisciplinario de Investigaciones y Estudios sobre Medio Ambiente y Desarrollo del IPN y CONACYT. Tesis de Doctorado.

Proyecto CONACYT FOP08-2021-01 2021 “Plan de manejo integral de un sistema alternativo para mejorar y recuperar los suelos dañados por glifosato” de la empresa Tecnologías AgriBest S.A. de C.V (2021).

Elaboración de un sucedáneo del dulce conocido como acitrón para su uso culinario en colaboración con la Basque Culinary Center (España) y la Facultad de Turismo y Gastronomía de la Universidad Anáhuac México Norte (2022).

## Tesis Dirigidas (Licenciatura)

### Finalizadas

1. **Establecimiento de un cultivo *in vivo* para la micorrización de *Corylus avellana* con *Tuber melanosporum*.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Laura and Sayat, Culinary Services LLC, United States. Finalizado 2020
2. **Obtención de betalainas de *Beta vulgaris* a partir de un cultivo *in vitro*.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México Laboratorio de cultivo vegetal, Fac. de Química. UNAM. Finalizado 2020
3. **Establecimiento de un cultivo *in vitro* de Orquídeas de interés comercial.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Laboratorio de cultivo vegetal, Fac. de Química. UNAM. Finalizado 2020
4. **Aislamiento e identificación de bacterias productoras de pigmentos.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Laboratorio de pigmentos vegetales, Fac. de Ciencias. UNAM. Finalizado 2020
5. **Elaborar un sucedáneo del dulce conocido como acitrón para su uso culinario.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la Salud y Fac. de Turismo y Gastronomía de la Universidad Anáhuac México; y Facultad de Ciencias Gastronómicas, Basque culinary center, País Vasco, España. Finalizado 2020.
6. **Diseño de un taller para el cuidado de astromelia (*Alstroemeria hybrida*) en la comunidad de Chilapa, Veracruz, México.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Fundación MASALTO. Finalizado 2023
7. **Análisis molecular de suelo rizosférico de cultivos de maíz y café contaminados con glifosato posterior a su tratamiento con la adición de bioestimulantes microbianos.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Tecnologías Agribest S.A. de C.V. Finalizado 2023
8. **Producción de C-Ficocianina a partir de *Limnospira fusiformis* y análisis de costos. Colaboración: Laboratorio de bioprocesos con microalga.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa. Finalizado 2023

9. **Caracterización de plantas mutadas *PHR1* complementadas con versiones fosforilables y no fosforilables de la proteína.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Fac. de Química. UNAM. Finalizado 2024
10. **Evaluación del efecto del aceite esencial de *Pipper auritum* conjugado con nanopartículas de plata sobre larvas de *Spodoptera frugiperda*.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y CINEVESTAV-Zacatenco. Finalizado 2024
11. **Diseño de un biopolímero como alternativa a los arillos plásticos de empaque de envases de aluminio para bebidas.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Centro de Nanociencias y Micro y Nanotecnologías del IPN. Finalizado 2025
12. **Establecimiento de un protocolo de micropropagación *in vitro* para *Stenocereus eruca*.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México y Laboratorio de cultivo de tejidos vegetales del Jardín Botánico de la UNAM. Finalizado 2025
13. **Protocolo para la elaboración de un alimento funcional a base de *Hericium erinaceus* (melena de león).** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud y Fac. de Turismo y Gastronomía de la Universidad Anáhuac México, Fac. de Química de la UNAM. Finalizado 2025
14. **Diseño de un protocolo para el establecimiento de un cultivo *in vitro* de *Ferocactus hystrix*, una especie endémica de México en peligro de extinción.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México, Fac. de Química. UNAM y Laboratorio del jardín botánico de la UNAM. Finalizado 2026
15. **Comparación de perfiles sensoriales y fisicoquímicos de bebida alcohólica tipo sake producido con diversas cepas de *Saccharomyces cerevisiae*.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud y Fac. de Química de la UNAM. Finalizado 2026

### **En proceso**

1. **Diseño de un protocolo para el establecimiento de un cultivo *in vitro* de *Echinocactus platyacanthus*, una especie endémica de México en peligro de extinción.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud y Fac. de Turismo y Gastronomía de la Universidad Anáhuac México, Fac. de Química de la UNAM.
2. **Diseño de bebida funcional a base de kefir, fortificada con aminoácidos (BCAAs) y enriquecida con adaptógenos de *Withania somnifera* (Ashwagandha).** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud y Fac. de Turismo y Gastronomía de la Universidad Anáhuac México, Fac. de Química de la UNAM.
3. **Análisis genético del algodón mexicano no transgénico para la identificación de secuencias no reportadas.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México, Fac. de Química de la UNAM y CENID-COMEF-INIFAP.
4. **Evaluación de condiciones de cultivo en la biosíntesis de índigo por medio de *Acinetobacter sp.*** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud, Fac. de Química de la UNAM y UPIBI-IPN.
5. **Estrategias de conservación y propagación de cactáceas en el jardín botánico en Charco del Ingenio de San Miguel de Allende, Guanajuato.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud, Fac. de Química de la UNAM y Jardín Botánico el Charco del Ingenio. **Valorización de cáscara de aguacate mediante la extracción de pigmentos y su uso potencial en formulaciones cosméticas.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud, Fac. de Química de la UNAM y Aión Cosmetics.
6. **Diseño de un laboratorio de micropropagación de *Cannabis ssp.* con fines medicinales en Bogotá, Colombia.** Colaboración: Fac. de Ciencias de la salud de la Universidad Anáhuac México, Fac. de Química de la UNAM y Biotec de Colombia.

## f. Experiencia laboral

- ***Técnica Académica Titular A*** (2025-). Departamento de Bioquímica, Facultad de Química, Universidad Nacional Autónoma de México.
- ***Titular de Enlace Académico*** (2025). Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Anáhuac México Norte, Coordinación de la Licenciatura en Biotecnología.
- ***Coordinadora Administrativa de Simulación Clínica*** (2023-2025). Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Anáhuac México Norte, Coordinación de Simulación Clínica.
- ***Responsable del Centro Anáhuac de Simulación Clínica*** (2022-2023). Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Anáhuac México Norte, Coordinación de Simulación Clínica.
- ***Responsable de Laboratorios*** (2018-2022). Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Anáhuac México Sur, Coordinación de Laboratorios.

## g. Publicaciones

ORCID: 0000-0002-3043-8519

Scopus Author ID: 56488065600

1. Valdés, R. M., Martínez M. L., Bautista, G. H., Víquez, H. R., 2011. *The root colonizing fungi of the terrestrial orchid Cypripedium irapeanum*. Lankesteriana. 11(1):15-21
2. Alejandro D. Camacho, Laura Martínez, Hugo Ramírez Saad, Ricardo Valenzuela, María Valdés. *Potential of Different Microorganisms for Solid Waste Composting*. Terra Latinoamericana (2014) 32: 291-300
3. F.J. Martínez-Valdez., C. Martínez-Ramírez, L. Martínez-Montiel, E. Favela-Torres, N.O. Soto-Cruz, F. Ramírez-Vives, G. Saucedo-Castañeda. *Rapid mineralisation of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste*. Bioresource Technology. 180(2015) 112-118. Premio Christopher Augur UAM-I (2016).
4. Jorge Aarón Millán Téllez, Sayat Ozyilmaz, Laura Martínez Montiel. *Establishment of an in vivo culture for mycorrhization of Corylus avellana with Tuber melanosporum*. Journal of Microbiology & Experimentation. Med. Crave 2021-9(5):167-170.
5. Martínez-Montiel, L., Fernández-Perrino, F. J., Tovar-Gálvez, L. R., Saucedo- Castañeda, G. *Variation in the bacterial and fungal communities over a three-year period at Mexico City's largest operational-capacity composting plant*. Revista Mexicana de Ingeniería Química. Vol. 24, No. 3(2025) IA25566
6. L. Martínez-Montiel, L. R. Tovar-Galvez, F. J. Fernández-Perrino; G. Saucedo- Castañeda. *Respirometric analysis during the production of hydrolytic enzymes using compost added from agro-industrial by-products*. En proceso

## Otros cursos

### *Disciplinar*

1. III Día de puertas abiertas de la Secretaría Ejecutiva. Comisión Intersecretarial de Bioseguridad de los Organismos Genéticamente Modificados. CIBIOGEM. CONACYT. Septiembre, 2012.
2. XV National Congress of Biotechnology and Bioengineering. 12 International Symposium on the genetics and industrial microorganisms. Presentación de avances del trabajo doctoral. Junio 2013. Quintana Roo, México.
3. Curso teórico-práctico: Evolución en la cuantificación absoluta de ácidos nucleicos: La nueva era de la PCR digital en nanogotas. BIORAD. Junio 2013. Quintana Roo, México.
4. Curso de “Metagenómica aplicada a los sistemas biológicos”. Universidad Autónoma Metropolitana. Febrero 17-18, 2014. Ciudad de México. 10 horas.
5. 2º Seminario Internacional de Gestión de Residuos Sólidos. Secretaría de Obras y Servicios del Distrito Federal. Ciudad de México. Junio 3-5, 2014
6. 4 ISEBE The fourth international symposium on environmental biotechnology and engineering. Presentación de los trabajos “Aerobic degradation of organic solid waste and molecular analysis of microbial communities” y “Effect of pH and Temperature on mineralization of organic fraction of municipal solid waste (OFMSW)”, CINVSTAV, Ciudad de México, Septiembre 9-12, 2014
7. 1er Congreso Iberoamericano de Biotecnología. Bioiberoamérica 2016. Trabajos: “Análisis respirométrico de la fermentación en medio sólido de subproductos agroindustriales y composta” y “Análisis fisicoquímico y molecular de composta producida en la planta de compostaje de bordo poniente de la ciudad de México de 2013 a 2015”. Universidad de Salamanca, Salamanca, España. Junio 3-7, 2016
8. Foro: Jóvenes mexiquenses. Decidiendo y actuando por el medio ambiente. Red Alianza para la Cooperación por la Biodiversidad y la Identidad Cultural. Ciudad de México. Mayo 24, 2017
9. México Calidad Suprema. SAGARPA. Arráigate Joven. “Laboratorio de innovación verde”. Ciudad de México. Febrero 8, 2018.
10. Congreso Virtual BIOLAUNCH 2020. Modalidad virtual. Septiembre 2020.
11. 1er Congreso nacional de tecnología y biotecnología agrícola. Presentación del trabajo: Establecimiento de un cultivo *in vivo* para la micorrización de *Corylus avellana* con *Tuber melanosporum*. Poster, modalidad virtual. Octubre, 2020.
12. 1er Foro sobre el manejo de enfermedades de la vid. Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro. Modalidad virtual. Abril 2021.
13. Ciclo de conferencias Tópicos de Herramientas Biotecnológicas para el Desarrollo Agrícola. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A.C. Mayo 2021.
14. XIX National Plant Biochemistry and Molecular Congress. XII Symposium México-USA/2<sup>nd</sup> ASPB Mexico Section. Noviembre 2021
15. Ciclo de conferencias del 10 Aniversario del Centro Nacional de Recursos Genéticos del INIFAP. Junio 2022.

16. XX Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería. Presentación de los trabajos: Análisis molecular de suelo rizosférico de cultivos de maíz y café contaminados con glifosato, posterior a su tratamiento con la adición de un bioestimulante microbiano, Micropropagación por cultivo *in vitro* de *Echinocactus platyacanthus*, especie en peligro de extinción, Producción de ficocianina (C-FC) a partir de *Limnospira fusiformis* en diferentes medios de cultivo, Síntesis verde de nanopartículas de plata con aceite esencial de *Piper auritum*. Ixtapa-Zihuatanejo. Septiembre de 2023.
17. Curso nacional sobre bioprocesos. Universidad autónoma de Coahuila. Octubre 2023
18. Jornadas dinámicas con especialistas en las Ciencias ambientales, experiencias y retos. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-IPN. Junio 2024.
19. 2ª Jornada de bioquímica de proteínas y biotecnología marina. Centro Interdisciplinario de ciencias marinas del IPN. Junio 2024.
20. Seminario: Aplicación de la biotecnología para la conservación y aprovechamiento de recursos genéticos vegetales. 8 horas. Instituto nacional de investigaciones forestales, agrícolas y pecuarias. Marzo 2025
21. Curso. La salud vegetal. Plagas y enfermedades en plantas. Universitat Autònoma de Barcelona. 24 h. Agosto 2025
22. Curso. Comités de ética en la investigación con humanos. Programa Universitario de Bioética. Universidad Nacional Autónoma de México. 2 horas. Agosto 2025
23. Research Ethics online training (V2): Evaluating risk and benefits. The global health network. World Health Organization. Agosto 2025
24. Research Ethics online training (V2): Introduction to research ethics. The global health network. World Health Organization. Agosto 2025
25. Research Ethics online training (V2): Principles and guidelines. The global health network. World Health Organization. Agosto 2025
26. XIX Coloquio Invernal de Investigación del Departamento de Bioquímica. Facultad de Química, UNAM, enero 2026

### *Habilitación docente*

- 1) Curso Taller sobre Acreditación. CACEI Consejo de Acreditación de la enseñanza de la ingeniería A. C. Ciudad de México. Febrero 28-29, 2012
- 2) Curso-Taller "Estrategias educativas con una perspectiva constructivista" Secretaría Académica Dirección de Educación Media Superior. CECyT 10. IPN. 20 horas. Enero 16-20, 2012
- 3) Curso "Elaboración de exámenes e instrumentos de evaluación". Curso en línea. Universidad Tecnológica de México, Campus Ecatepec, Edo. de México. Junio 19, 2015
- 4) Taller de habilidades docentes básicas (microenseñanza). Universidad Anáhuac México. 15 horas. Huixquilucan, Edo. de México. Julio 2017.
- 5) Curso Introducción a la didáctica por competencias y su evaluación (línea). Universidad Anáhuac México. 30 horas. Huixquilucan, Edo. de México. Julio 2017.
- 6) Taller para la redacción de un artículo científico. Universidad Anáhuac México. 20 horas. Huixquilucan, Edo. de México. 20 h. Enero 2018.

- 7) Curso El ABC de cómo impartir clases de manera virtual o en línea utilizando: Microsoft. Universidad Anáhuac México. 1.5 horas. Huixquilucan, Edo. de México. Marzo 2020.
- 8) Curso Básico D2L-Brightspace. 4 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Mayo de 2020
- 9) Curso Elaboración de contenido interactivo para tus clases virtuales. 1.5 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Mayo 2020
- 10) Cápsulas de metodologías activas: Método de casos. 2 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Mayo de 2020
- 11) Taller Intensivo de Aprendizaje Invertido para la Nueva Normalidad Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Junio 2020
- 12) Curso intermedio de D2L Brightspace. 4 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Agosto 2020
- 13) Máster en Formación Integral. Módulo: Epistemología. 30 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Diciembre 2020
- 14) Microsoft Office TEAMS. 1.5 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Diciembre 2020
- 15) Curso Sesiones interactivas para tus clases virtuales. 1.5 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Diciembre 2020
- 16) Curso Primeros auxilios psicológicos. 17.5 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Diciembre de 2020
- 17) Curso Comunicación asertiva en el aula. 8 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Enero 2021
- 18) Curso Estrategias transformacionales en la educación. 9 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Enero 2021
- 19) Curso Elaboración de contenido interactivo para tus clases virtuales. 1.5 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Febrero 2021
- 20) Curso Regreso seguro a clases híbridas: Laboratorios. 1.5 h. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Marzo 2021
- 21) Curso Cómo ser un buen profesor universitario en cualquier modalidad. 30 h. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Marzo 2021
- 22) CITAVI Gestor de Referencias Bibliográficas y Organizador. 3 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Abril 2021
- 23) Conferencia Protocolo e Imagen Docente: home office y clases en línea. 3 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Mayo 2021
- 24) Curso Resolución de problemas con Excel para profesores - Nivel 1. 3 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Junio 2021
- 25) Taller para la Internacionalización de la asignatura. 2 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Julio 2021

- 26) Curso Introducción a los COIL. 2 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Julio 2021
- 27) Curso Integridad Académica. 5 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Diciembre 2021
- 28) Máster en Formación Integral. Módulo: Antropología. 30 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Diciembre 2021
- 29) Curso Elaboración de un protocolo de investigación. 20 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Marzo 2023
- 30) Curso Ética en el quehacer científico. 20 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Abril-Mayo 2023
- 31) Curso de Integridad académica. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Junio 2023
- 32) Búsqueda de información en la actividad académica e investigadora. 20 h Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Junio 2023
- 33) Taller de exigencia académica. 10 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Julio 2023
- 34) Curso Ética en el quehacer científico. 20 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Febrero 2024
- 35) Curso de Introducción a la ética y bioética. Programa Universitario de bioética. Universidad Nacional Autónoma de México. Abril 2024
- 36) Claves para la innovación en la docencia universitaria. 16 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Julio 2024
- 37) Curso: Retos del docente ante las múltiples generaciones. 10 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Septiembre 2024
- 38) Curso: No + violencia. 15 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Diciembre 2024
- 39) Taller de exigencia académica. 10 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Agosto 2024 y febrero 2025
- 40) Curso: Claves para la Innovación en la Docencia Universitaria. 16 horas. Universidad Anáhuac México. Huixquilucan, Edo. de México. Febrero 2025





**Variation in the bacterial and fungal communities over a three-year period at Mexico City's largest operational-capacity composting plant**

**Variación en las comunidades bacterianas y fúngicas durante un período de tres años en la planta de compostaje con mayor capacidad operativa de la Ciudad de México**

L. Martínez-Montiel<sup>1,3</sup>, F.J. Fernández<sup>1\*</sup>, L.R. Tovar-Gálvez<sup>2</sup>, G. Saucedo-Castañeda<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa. Departamento de Biotecnología. Av. Ferrocarril San Rafael Atlixco 186, Col. Leyes de Reforma 1<sup>a</sup> sección, Iztapalapa, C.P. 09310, Ciudad de México.

<sup>2</sup> Centro Interdisciplinario de Investigaciones y Estudios Sobre Medio Ambiente y Desarrollo. Instituto Politécnico Nacional. Calle 30 de Junio de 1520 S/N, Col. La Laguna Ticomán, Gustavo A. Madero, C.P. 07340, Ciudad de México.

<sup>3</sup> Universidad Anáhuac México Norte, Facultad de Ciencias de la Salud. Av. Universidad Anáhuac 46, Col. Lomas Anáhuac, Huixquilucan, C.P. 52786, Estado de México.

Sent date: April 10, 2025; Accepted: August 30, 2025

**Abstract**

In Mexico City, a daily generation of 12404 t of municipal solid waste was registered in 2022. Approximately 1374 t of organic matter are received at the Bordo Poniente Composting Plant (BPCP, West Rim Composting Plant) for transformation into compost. BPCP is likely the largest composting facility in Latin America. A total of 15 samples were collected over a three-year period after its opening in 2012. The samples were then subjected to analysis to ascertain their moisture content, pH, reducing sugar content, C/N ratio, and maximum CO<sub>2</sub> production rate. All the analyzed samples were found to meet the requisite criteria for stable compost. The polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) method was employed to identify the bacterial and fungal communities present in the samples. The descriptive analysis revealed the presence of seven bacteria and three fungi in all the compost samples coming from the rainy and dry seasons; thereby generating basic knowledge of the microbiota composition suitable for the composting process. Additionally, some of the identified microorganisms have biotechnological potential for application in different industrial sectors. The data obtained are highly relevant and remain so despite the time elapsed since the sampling. They shed light on the microbial dynamics during the composting process, with a broad approach (bacteria and fungi). Most of previous studies have only focused on one of these taxonomic categories, which misses a lot of information on the complex syntrophic relationships that may occur. The complexity and size of the composting plant studied is another element of great interest.

**Keywords:** Bacterial and fungal communities, compost, compost stability, DGGE-PCR, nested PCR.

**Resumen**

En 2022 se generaron diariamente 12404 t de residuos sólidos urbanos en la Ciudad de México. Aproximadamente 1374 t de materia orgánica se reciben en la Planta de Composta Bordo Poniente (BPCP) para su transformación en composta, siendo esta planta, muy probablemente, la mayor instalación de compostaje de toda América Latina. Un total de 15 muestras fueron recogidas durante un período de tres años después de su apertura en 2012. Las muestras se sometieron a análisis para determinar su contenido de humedad, pH, contenido de azúcares reductores, relación C/N y tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub>. Se comprobó que todas las muestras analizadas cumplían los criterios exigidos para una composta estable. Para identificar las comunidades bacterianas y fúngicas presentes en las muestras se empleó el método de reacción en cadena de la polimerasa y electroforesis en gel de gradiente desnaturante (PCR-DGGE). El análisis descriptivo reveló la presencia de siete bacterias y tres hongos en todas las muestras de composta provenientes de las estaciones de lluvia y seca, generando así un conocimiento básico de la composición de la microbiota adecuada para el proceso de compostaje. Además, algunos de los microorganismos identificados tienen potencial biotecnológico para su aplicación en diferentes sectores industriales. Los datos obtenidos son altamente relevantes y siguen siéndolo a pesar del tiempo transcurrido desde el muestreo. Permiten comprender mejor la dinámica microbiana durante el proceso de compostaje, con un enfoque amplio (bacterias y hongos). La mayoría de los estudios previos sólo se han centrado en una de estas categorías taxonómicas, lo que hace que se pierda mucha información sobre las complejas relaciones sintróficas que pueden darse. La complejidad y el tamaño de la planta de compostaje estudiada es otro elemento de gran interés.

**Palabras clave:** composta, comunidades bacterianas y fúngicas, DGGE-PCR, estabilidad de la composta, PCR anidada.

\* Corresponding authors. E-mail: [fjfp@xanum.uam.mx](mailto:fjfp@xanum.uam.mx), [saucedo@xanum.uam.mx](mailto:saucedo@xanum.uam.mx);

<https://doi.org/10.24275/rmiq/IA25566>

ISSN:1665-2738, issn-e: 2395-8472



## 1 Introduction

In Mexico City, the quantity of waste generated by anthropogenic activities has been on the rise in recent years, in parallel with the growth of the population. A daily generation of 12204 t of municipal solid waste was registered in 2013 (Noyola *et al.*, 2014), increasing to 12893 t in 2014 and 12816 t in 2015. According to the latest data from the Mexico City Solid Waste Inventory, approximately 12404 t of municipal solid waste (MSW) were generated daily in Mexico City in 2022, equating to an estimated generation of 1.07 kg d<sup>-1</sup> inhabitant<sup>-1</sup> (SEDEMA, 2022). Approximately 48% of this MSW is derived from households, 30% from services and businesses, 10% from markets, 5% from the Mexico City wholesale central market (Central de Abasto), 4% from various sources, and 3% is of controlled origin, including prisons, government offices, and medical units. The Ministry of Environment and Natural Resources (SEMARNAT, 2021) has reported that 38% of MSW is comprised of organic solid waste (OSW), which is classified into two major categories: pruning and gardening waste and food remains. The total quantity of organic solid waste generated per day is approximately 4676.3 t, with approximately 1374 t (over 30% of the MSW generated in Mexico City) received daily at the Bordo Poniente Composting Plant (BPCP, West Rim Composting Plant). The BPCP began its operation in 2012; the surface area of the facility is 370,000 m<sup>2</sup>, with an installed capacity of 876000 t year<sup>-1</sup>, and a compost production of 89717 t year<sup>-1</sup>. Several works have been previously published regarding utilization of this Municipal Solid Organic Waste (MSOW) plant (Castilla-Hernández *et al.*, 2016; Estrada-Martínez *et al.*, 2021; Gan *et al.*, 2013; Jimenez-Rodriguez *et al.*, 2020). The facility comprises approximately 1000 piles, each measuring 200 m in length and 3 m in height. In consideration of the capacity of BPCP, it is the largest compost plant in Mexico and one of the largest in Latin America. In 2021, this composting plant received 449876 t of waste, which was transformed into 89702 t of compost. The quantity of organic solid waste (OSW) received daily (1374 t) for transformation into compost, along with the operational capacity of the plant (89 t d<sup>-1</sup>) (SEDEMA, 2022), has led to the investigation of technologies that facilitate more efficient composting processes in recent years. In 2013, a waste separation program was established in Mexico City, where waste is collected from the source of generation (Programa General de Desarrollo Del Distrito Federal 2013-2018, 2013). Since a large portion of municipal solid waste (MSW) is generated in households, a segmented collection route was implemented where OSW is collected exclusively from households in Mexico City three days a week. After collection, the waste is weighed and transported directly to the BPCP. At the plant, the OSW is

mixed with pruning and tree trimming waste from green areas. The composting process is carried out in open-air piles, which allows for the process to be aerobic (although BPCP is located at 2,250 msnm, with partial pressure of O<sub>2</sub> 24% lower than at sea level, physiological processes are unaffected). The plant staff monitor the temperature to ensure the process reaches the thermophilic phase (60-70 °C). They also maintain the moisture of the piles by recirculating the leachate from the piles that have been processing for longer. The piles are periodically turned to prevent ignition zones and maintain homogeneity. Once the process is complete, the compost is screened to remove any remaining inorganic materials such as glass or plastic. After screening, the compost is placed in windrows for maturation.

Composting is defined as a biological process of aerobic degradation of organic matter through the succession of microbial communities of fungi and bacteria that have specific functions, resulting in the mineralization of easily degraded organic matter and the formation of a biologically stable end product (Noor *et al.*, 2024; Xi *et al.*, 2015; Yamamoto & Nakai, 2019). It is of great importance to understand the microorganisms present during the composting process. Nevertheless, technical challenges exist in conducting complex analyses based on direct isolation of microorganisms due to the potential for significant bias when selecting the culture media for isolation (Chen *et al.*, 2023). Consequently, molecular tools and methods are employed to conduct microbial ecology studies in complex ecosystems or processes such as composting. Some of these tools include polymerase chain reaction (PCR) and denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE), collectively known as PCR-DGGE. This is a molecular method for rapidly detecting changes in the microbial community or performing a comparative analysis of environmental samples, thereby providing information on the distribution and composition of the microbial species present (Tu Anh *et al.*, 2018). Despite the fact that this technique has now been virtually displaced due to the cheapening of metagenomics studies by next generation sequencing (García-Uitz *et al.*, 2024; Loreto-Muñoz *et al.*, 2024), the DGGE technique remains in use for this purpose. Aydin *et al.* (Aydin *et al.*, 2015) employed this technique to identify alterations in the microbial community present in compost bioreactors following the addition of varying antibiotic concentrations. In a study conducted by Xi *et al.* (Xi *et al.*, 2015), the polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) method was employed to assess the influence of multistate inoculation on the composition and dynamics of the fungal and bacterial communities in a municipal solid waste composting process. Tu Anh *et al.* (Tu Anh *et al.*, 2018) conducted a study to analyze and compare

Table 1. Identification codes and meteorological conditions during the sampling in BPCP in Mexico City.

Year	Month	Sample code	Season	Climate season	Precipitation* (mm*m <sup>-2</sup> )	Mean Temperature (°C)	Maximum Temperature (°C)	Minimum Temperature (°C)
2013	March	MAR13	Spring	dry	0.0	14.7	24.4	5.0
	May	MAY13	Spring	rainy	1.3	18.4	27.5	9.2
	September	SEP13	Autumn	rainy	4.6	17.2	22.4	12.0
	October	OCT13	Autumn	rainy	1.4	16.5	23.5	9.4
2014	February	FEB14	Winter	dry	1.8	14.1	24.7	3.4
	March	MAR14	Spring	dry	0.8	16.0	25.3	6.8
	May	MAY14	Spring	rainy	2.1	17.2	25.2	9.1
	July	JUL14	Summer	rainy	3.6	17.1	24.0	10.3
	September	SEP14	Autumn	rainy	2.8	17.3	24.0	10.7
	October	OCT14	Autumn	rainy	4.9	15.5	22.4	8.5
	November	NOV14	Autumn	dry	0.1	14.2	22.6	5.9
2015	February	FEB15	Winter	dry	0.1	12.8	22.2	3.5
	March	MAR15	Spring	dry	3.1	15.0	22.8	7.2
	May	MAY15	Spring	rainy	4.4	17.8	25.5	10.0
	September	SEP15	Autumn	rainy	2.0	17.2	23.7	10.8

\* Average rainfall per month

the effectiveness of different sets of primers for the identification of fungi present in compost samples. Their findings indicated that, on certain occasions, DNA extractions may contain PCR inhibitors. Pandey *et al.* (Pandey *et al.*, 2024) conducted a study in which they analyzed the evolution microbial communities and microbial shifts under anaerobic processes using DGGE. They applied this technique to analyze the dominant bacterial community in mesophilic and thermophilic anaerobic digestions of dairy manure in different temperatures (28-52 °C), examining the variable region V3 of the 16S rRNA gene of the present bacteria. The results showed that the bacterial community was affected by temperature and anaerobic incubation time, with significant changes in the microbial community.

To reduce the time required for composting processes, it is necessary to explore ways to modify the bioprocessing conditions to promote the specific activity of certain microorganisms. To achieve this, it is essential to have a comprehensive understanding of both the composting process conditions and the microorganisms involved. For this reason, the objective was to conduct a physicochemical and respirometric analysis of BPCP compost during the first three years of operation of the plant, period during both the dry and rainy seasons in Mexico City. The analysis was conducted to determine the stability of the compost and variation in the bacterial and fungal communities present, which was analyzed using the PCR-DGGE technique through the sequence of the predominant operational taxonomic units (OTUs).

## 2 Materials and methods

### 2.1 Sampling

A series of composting sampling procedures were conducted at the Bordo Poniente Composting Plant (BPCP) in Mexico City (19.461604451263426, -99.01750305249477), between 2013 and 2015. These procedures were conducted over several months during both the dry and rainy seasons, as detailed in Table 1. The sampling was conducted in accordance with the procedures outlined in the Test Methods for the Examination of Composting and Compost (TMECC), Method 02.01.(Thompson *et al.*, 2001) All samples were obtained from the mature compost storage site at the BPCP and were maintained at a refrigerated temperature until analysis.

### 2.2 Analytical techniques

#### 2.2.1 Moisture determination

The moisture content was determined in triplicate by gravimetry using the standard method TMECC 03.09-A (Thompson *et al.*, 2001), as outlined in the Thermobalance OHAUS automatic moisture analyzer.

#### 2.2.2 pH determination

The pH was determined using a calibrated potentiometer (Conductronic, model pH 120). In a beaker, 10 g of compost were weighed, and deionized water was added at a 1:5 ratio in accordance with the methodology outlined in section 04.11 of the TMECC

(Thompson *et al.*, 2001). This standard establishes the requirements for compost production from the organic fraction of urban, agricultural, livestock, and forestry solid waste and the quality specifications for compost produced and distributed in Mexico City (SEDEMA, 2011).

### 2.2.3 Carbon/Nitrogen (C/N) ratio determination

The C/N ratio was determined using a CHN elemental analyzer (Model 2400, Series II, Perkin Elmer). Between 2 and 3 mg of dried and sieved (mesh No. 100) compost samples were weighed in a tin capsule for analysis, in accordance with the manufacturer's instructions (Perkin Elmer Company, 2005). All samples were kept desiccated, and the analyses were performed in triplicate.

### 2.2.4 Soluble reducing sugar determination

In an Erlenmeyer flask, 5 g of the sample was weighed, and 20 mL of distilled water was added. The flasks were agitated on an orbital shaker at 21 °C for 10 min at 300 rpm. The samples were then centrifuged for three min at 16000 × *g*. One mL of the supernatant was then extracted and analyzed for soluble reducing sugars (RS) using the DNS method (Miller *et al.*, 1960). A volume of 1.5 mL of the DNS reagent was added to tubes containing 1 mL of the extract. The tubes were then placed in a boiling water bath for 10 min to develop color. Subsequently, the tubes were immersed in a cold-water bath, and the absorbance was read at 630 nm using a microplate reader (Elx808, BioTek).

### 2.2.5 Respirometric analysis

The compost samples were analyzed by respirometry in accordance with the procedure described by Martínez-Valdez *et al.* (2015) to quantify the production of CO<sub>2</sub> using a submerged system of packed-bed column bioreactors. The glass columns were filled with 30 g of compost, and the pH and humidity were not adjusted. During the analysis, a constant volumetric rate of 0.5 vkgm was maintained, and the analysis was performed over 48 h at 30 °C.

## 2.3 Molecular analysis techniques

The following techniques were used to perform PCR-DGGE analysis:

### 2.3.1 DNA extraction

DNA was extracted from biomass pellets (with a weight between 0.8 and 1.0 g) using a commercially available kit (PowerSoil® DNA Isolation Kit, MoBio Laboratories, Inc.). The integrity of the extracted DNA was evaluated through electrophoresis on a 1% agarose gel, which was run at 90 V for 40 min in 1X TAE buffer.

The concentration and purity of the obtained DNA were determined spectrophotometrically (NanoDrop 2000, Thermo Scientific). Additionally, the A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub> ratio was determined to assess its suitability for amplification reactions.

### 2.3.2 Nested PCR

Two distinct regions (for bacteria and fungi) were subjected to phylogenetic analysis. The 16S rDNA gene was amplified for the bacteria, followed by nested PCR of the V6-V8 region of the same gene. For fungi, the genomic region encoding the ribosomal RNA precursor, including the internal transcribed spacers ITS1 and ITS2, was initially amplified. Subsequently, the internal transcribed spacer 1 (ITS1) of this region was amplified by nested polymerase chain reaction (PCR).

To identify bacteria, 16S rDNA amplification was conducted in an endpoint thermocycler (Multigene, Labnet International, Inc.). The primers employed for the amplification process were 8F (5' AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG 3') and 1492R (5' TAC GGT TAC CTT GTT ACG ACT T 3') (Forney *et al.*, 2004). The reaction mixture included 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>, 200 μM of each dNTP (Promega Corporation USA), 10 pM of each primer, 1.5 U of GoTaq® Flexi DNA Polymerase (Promega Corporation USA) and 10-20 ng μL<sup>-1</sup> of DNA template in 1X buffer. The amplification conditions were as follows: the initial denaturation phase was conducted for two min at 95 °C, followed by 25 cycles. Each cycle consisted of 30 s at 95 °C, 30 s at 50 °C for annealing, and one min at 72 °C for extension. A final extension step of five min at 72 °C was performed. The amplicons were subsequently subjected to analysis by 1% agarose gel electrophoresis (90 V, 45 min) stained with Texas Red® (Thermo Fisher Scientific). Following electrophoresis, the resulting bands were visualized under UV light using a transilluminator (Gel Logic 2200 Pro, Carestream Health, Inc.). Subsequent to the amplification of the 16S rDNA gene, nested PCR was performed to amplify the V6-V8 region with the previous product serving as the DNA template. The primers employed in this study were 1070F (5' ATG GCT GTC GTC AGC T 3') and 1392R+GC (5' GCC GCC CGC CCC GCG CCC GGC GCC GCC CCC GCC CCC C ACG GGC GGR GRG CT 3') (Burr *et al.*, 2006). The amplification conditions followed those previously established for the amplification of the 16S rDNA gene, with the exception of the annealing temperature, which was elevated to 55 °C. As previously stated, the visualization of the amplicons was conducted. The purified products were obtained using a commercial kit in accordance with the protocol described by the supplier (Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System, Promega Corporation). Subsequently, the concentration of the products was determined through spectrophotometric analysis.

In order to identify the fungi present, a preliminary amplification reaction was conducted using the primers ITS1 (5' TCC GTA GGT GAA CCT GCG G 3') and ITS4 (5' TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC 3') (White *et al.*, 1990). The reaction mixture consisted of 1X PCR Super Master Mix (Biotools, B & M Labs, S.A.), 10 pM of each primer and 1-20 ng of template DNA. The amplification conditions were standardized as follows: an initial denaturation for 3 min at 95 °C, was followed by 30 cycles, each consisting of 30 s at 95 °C denaturation, 30 s at 60 °C annealing, 30 s at 72 °C extension, and a final extension for 2 min at 72 °C. The second amplification reaction was conducted using the previous products as template DNA with the primers ITS2 (5' GCT GCG TTC TTC ATC GAT GC 3') and ITS5+GC (5' CGC CCG CCG CGC GCG GCG GGC GGG GCG GGG GCA CGG GGG GAA GTA AAA GTC GTA ACA AGG 3'). The reaction mixture and amplification conditions were identical, with the exception of the annealing temperature, which was elevated to 65 °C.

### 2.3.3 DGGE analysis

The amplicon profiles were analyzed using a vertical electrophoresis chamber (DCode Universal Mutation Detection System, Bio-Rad Laboratories) on 7% acrylamide:bisacrylamide (37.5:1) with a parallel denaturing gradient, ranging from 30-65% for bacterial analysis and 25-55% for fungal analysis. The electrophoresis was conducted for 19 h at 60 °C and 80 V in 0.5X buffer (Neilson *et al.*, 2013). Each gel lane was loaded with 100 ng of purified amplicons from nested-PCRs. Following electrophoresis, the acrylamide gels were silver stained using the technique described by Sanguinetti *et al.* (1994). The obtained gels were digitized using a photo documenter (MiniLumi, DNR Bio-Imaging Systems) and the band analysis was conducted using GelQuant software (DNR Bio-Imaging Systems). Subsequently, selected bands were excised and reamplified using the aforementioned primers, namely 1070F and 1392R for bacteria and ITS2 and ITS5 for fungi, respectively, in the absence of the -GC clamp. The amplification conditions were as previously described. The purified products were then subjected to further analysis using the Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System (Promega Corporation). After that, the samples were quantified and prepared for subsequent sequencing.

### 2.3.4 Sequencing and bioinformatic analysis

The purified samples were subsequently sent to Macrogen, Inc. (Seoul, Korea) for sequencing. Sequence analysis was conducted after the sequences were edited using the bioinformatics programs Clustal X V. 2.1 (<http://www.clustal.org/clustal2/>) and BioEdit V. 7.2 ([https://thalljiscience.](https://thalljiscience.github.io/)

[github.io/](https://thalljiscience.github.io/)). The sequences were compared with the GenBank 16S rDNA and ITS1 gene databases using BLASTn, with uncultured/environmental sample sequences being excluded.

The nucleotide sequences included in this work were deposited under Bioproject PRJNA1047156 (accession numbers: KIDT00000000 for 16S rRNA and KIDU00000000 for ITS) as a Targeted Locus Study project in DDBJ/ENA/GenBank.

## 3 Results and discussion

### 3.1 Climatological conditions during compost sampling

The identification codes of the 15 samples and meteorological conditions during the sampling in BPCP in Mexico City are presented in Table 1. Four samples were collected in 2013, seven in 2014, and four in 2015. In terms of temporal distribution, samples were obtained from the four seasons of the year, with the highest frequency observed in summer and autumn. The average, maximum, and minimum temperatures, as well as the evaporation rate, were obtained from the database of the National Meteorological System of Mexico (SMN). The data were specifically extracted from the meteorological station of Nabor Carrillo Lake (Code C15383), situated in the Municipality of Texcoco de Mora (State of Mexico), approximately 5 km from the BPCP. The months with the highest rainfall were September 2013, October 2014, and May 2015, with 4.6, 4.9, and 4.4 mm m<sup>-2</sup>, respectively. The minimum temperature for the months of sampling was maintained at intervals between 3.4 and 12 °C, the maximum temperature was between 22.2 °C (February 2015) and 27.5 °C (May 2013), and the average temperature recorded by the meteorological station was between 12.8 and 18.4 °C. It is noteworthy that in Mexico City, the period of lower rainfall occurs from December to April. During this period, precipitation levels decline, resulting in drier conditions (Table 1). In 2014, the BPCP implemented a modernization redesign in the composting process and a change in the location of the finished product for stabilization. Moreover, the final compost was placed in an open environment, which favored humidification due to rainfall during the rainy season and dehydration during the hot months. This resulted in differences in the final characteristics of the product. During the process of modifying the BPCP, a dome was constructed to maintain the maturity of the compost throughout the year.



### 3.2 Physicochemical and respirometric analysis of compost

The moisture content (in percent) of all compost samples ranged from  $10.3 \% \pm 0.2$  to  $46.5 \% \pm 0.7$ , with notable fluctuations observed across different months of the year. The samples from March, May, and June of the three years (except for May 2014) exhibited lower moisture contents, while all the samples from September exhibited the highest moisture content. This high moisture content corresponded to the rainy season in Mexico City, as indicated in Table 1. According to the Mexican standard (NADF-020-AMBT-2011) (SEDEMA, 2011), the moisture content of the compost must be between 25 and 45 % by weight. Based on this parameter, it can be concluded that all the samples analyzed correspond to stable and good-quality compost. The concentration of soluble reducing sugars (RS) in the samples showed significant variations, regardless of the sampling month. The samples from March exhibited the highest concentration of reducing sugars, followed by those from May, which corresponded to the spring season. During this period, many of the organic residues found in the BPCP originated from fruits with high sugar contents.

Conversely, studies evaluate compost quality by determining maturity and stability, yet fail to clearly define the parameters to be used to determine these conditions (Azim *et al.*, 2017; Olfa, 2013). Azim *et al.* (Azim *et al.*, 2017) proposed a division into three categories, depending on the process stage. The initial category encompasses the proposed starting parameters, including the C/N ratio, moisture content, porosity, and particle size. The second category encompasses parameters that are monitored during the composting process, including temperature, oxygen consumption

and CO<sub>2</sub> production, enzyme activities, and organic carbon. The third category assesses the quality of the final product by parameters such as the C/N ratio, humic substances, electrical conductivity (CEC), and salinity.

The effects of various factors, including pH, moisture content (%), the C/N ratio, reducing sugars, and CO<sub>2</sub> production rate, on the quality of the BPCP compost were analyzed (Table 2). The pH values of all samples were found to be between 8 and 9, indicating that all samples were obtained from composting piles that had reached an advanced stage of curing or stabilization (Barrena *et al.*, 2009; Kumar Singh *et al.*, 2009; Rastogi *et al.*, 2020). The C/N ratio of each sample was less than 12, except for that of compost SEP14, which had a value of  $13.6 \pm 0.5$ . These results indicated that the compost in the sampled piles had already reached a stable stage, which corroborated with the findings of other authors (Guo *et al.*, 2012; Xiao *et al.*, 2009) and with the Mexican standard NADF-020-AMBT-2011 (SEDEMA, 2011).

Regarding the maximum CO<sub>2</sub> production rate (Table 2), all samples exhibited values within the range of  $0.01 \pm 0.001$  and  $3.48 \pm 0.32$  mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> IDM h<sup>-1</sup>. The moisture content (%), pH, C/N ratio and CO<sub>2</sub> production rate of all the samples studied were within the limits for stable compost according to the local and international standards of the NADF-020-AMBT-2011 (SEDEMA, 2011) and US Composting Council (US Composting Council, 2023). Furthermore, no significant differences were found between the BPCP compost samples. The results presented indicate that the technical modifications implemented in the BPCP during 2014 were effective in maintaining the quality of the compost obtained.

Table 2. Physicochemical analysis and maximum CO<sub>2</sub> production rate of compost samples from BPCP in Mexico City.

Year	Sample code	Moisture (%)	pH	C/N ratio	Reducing sugars (mg g <sup>-1</sup> IDM)	Maximum CO <sub>2</sub> production rate (mg CO <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> IDM h <sup>-1</sup> )
2013	May-13	$12.6 \pm 0.3$	$8.2 \pm 0.1$	$9.5 \pm 0.4$	$4.0 \pm 0.2$	$0.03 \pm 0.01$
	Sep-13	$38.9 \pm 1.1$	$8.9 \pm 0.0$	$11.7 \pm 0.5$	$1.0 \pm 0.2$	$2.92 \pm 0.03$
	Oct-13	$36.0 \pm 1.9$	$8.9 \pm 0.1$	$8.5 \pm 0.2$	$0.6 \pm 0.1$	$0.09 \pm 0.01$
2014	Feb-14	$18.5 \pm 1.0$	$8.7 \pm 0.2$	$9.8 \pm 0.4$	$0.6 \pm 0.1$	$0.51 \pm 0.06$
	Mar-14	$11.2 \pm 0.3$	$8.4 \pm 0.2$	$9.7 \pm 0.3$	$6.0 \pm 0.1$	$0.05 \pm 0.01$
	May-14	$30.5 \pm 0.6$	$8.8 \pm 0.2$	$8.1 \pm 0.1$	$4.0 \pm 0.3$	$0.02 \pm 0.01$
	Jul-14	$10.5 \pm 0.3$	$8.9 \pm 0.1$	$8.9 \pm 0.1$	$0.4 \pm 0.0$	$0.02 \pm 0.01$
	Sep-14	$46.5 \pm 0.7$	$8.4 \pm 0.0$	$13.6 \pm 0.5$	$3.1 \pm 0.1$	$3.48 \pm 0.32$
	Oct-14	$16.3 \pm 0.3$	$8.5 \pm 0.1$	$9.4 \pm 0.9$	$1.9 \pm 0.1$	$0.01 \pm 0.01$
	Nov-14	$18.3 \pm 0.3$	$8.5 \pm 0.1$	$9.2 \pm 0.2$	$2.2 \pm 0.2$	$1.20 \pm 0.02$
2015	Feb-15	$15.0 \pm 0.3$	$8.7 \pm 0.0$	$9.1 \pm 0.2$	$1.0 \pm 0.1$	$0.04 \pm 0.01$
	Mar-15	$12.0 \pm 0.4$	$8.7 \pm 0.2$	$9.3 \pm 0.2$	$5.9 \pm 0.6$	$0.01 \pm 0.01$
	May-15	$11.3 \pm 0.6$	$8.9 \pm 0.0$	$10.4 \pm 0.4$	$3.5 \pm 0.4$	$0.03 \pm 0.01$
	SEP15	$28.6 \pm 1.0$	$8.9 \pm 0.1$	$9.0 \pm 0.2$	$0.6 \pm 0.1$	$1.23 \pm 0.02$

Table 3. Bacteria identified from BPCP in Mexico City. The asterisk indicates the samples in which each of the bacteria was detected. The percentage of identity is expressed in comparison to the NCBI database.

Microorganism	Identity (%)	Sample code														
		2013					2014					2015				
		MAR	MAY	SEP	OCT	FEB	MAR	MAY	JUL	SEP	OCT	NOV	FEB	MAR	MAY	SEP
<i>Acinetobacter albensis</i> (2)	100	*	*		*	*	*						*	*	*	*
<i>Acinetobacter equi</i> (2)	> 98.7	*	*	*	*	*	*									*
<i>Acinetobacter johnsonii</i> (12)	> 99.4	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Acinetobacter</i> sp. (12)	> 96.6	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Bacillus benzevorans</i>	99	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Bacillus</i> sp.	95.7	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Cutibacterium</i> sp.	97.7	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Porticoccus</i> sp.	96	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Pseudomonas</i> sp.	98.2	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Saccharopolyspora</i> sp.	97.1	*	*					*	*							
<i>Variovorax</i> sp.	95.1			*	*	*	*					*	*	*	*	*
<i>Xanthomonas</i> sp.	96	*														

### 3.3 Analysis of bacterial communities by PCR DGGE

High-molecular-weight DNA was successfully extracted from all samples, with an absorbance ratio ( $A_{260}/A_{280}$ ) close to 1.8, indicating that the DNA was relatively pure (Wilfinger et al., 1997). According to the primers used, the fragments obtained via nested PCR had an approximate length of 300 bp (Piterina & Pembroke, 2013). The bacterial profiles of the different compost samples obtained during the three years were studied. Image analysis (Figure 1S, supplementary material) yielded 233 total bands distributed among the 15 compost samples. A total of 59 bands were selected and cut based on their ease of cutting, representativeness, and intensity as observed during the development of the gel (Figure 1S, supplementary material). Following the bioinformatic analysis, data was obtained from 36 operational taxonomic units (OTUs), corresponding to 61% of the selected bands.

One of the most crucial aspects of studying composting from a microbial perspective is the diversity of fungi and bacteria present in piles during the composting process. This diversity is crucial for the degradation of organic matter. Consequently, considerable effort has been invested in recent years to study these microorganisms with the objective of enhancing their degradation efficiency (Maeda et al., 2010; Rastogi et al., 2020).

Studies of microbial diversity constitute a sound experimental strategy. Nevertheless, diversity is frequently constrained by the quantity and quality of organic matter available for compost production. This in turn is influenced by the physicochemical characteristics of the compost at the end of the composting process (Francou et al., 2007; Rastogi et al., 2020). Table 3 presents the bacteria identified in this study. Some of the sequences analyzed exhibited a percentage of identity above 98.5 %, indicating that they could be assigned to the species level. In contrast, the remaining sequences exhibited a percentage of

identity below the species level threshold, and thus could only be assigned to the genus level. The compost samples exhibited a similar diversity, except for those obtained in 2014, which exhibited a notable decline in the number of bacteria present. This decline can be attributed to the disturbances that occurred during the redesign of the BPCP, which affected the microbial diversity but not the final stability and maturity characteristics of the compost.

Some identified bacteria were intermittently present, including *Saccharopolyspora* sp. (previously known as *Streptomyces* sp.), which has an industrial application in the production of erythromycin and has frequently been found in soil (Saygin et al., 2021), and *Variovorax* sp., which produces octopin, a chemical compound related to the formation of tumors in the roots of some plants (Han et al., 2016) and to the degradation of phthalates, which are compounds added to plastics to increase their flexibility (Prasad & Suresh, 2012). This issue may be related to the presence of plastics of different types mixed with the organic matter that is destined for composting. During the separation of the municipal solid waste, the plastic materials are not completely removed from the organic fraction of the municipal solid waste. Seven of the 12 identified bacteria (*Acinetobacter johnsonii*, *Bacillus benzevorans*, *Acinetobacter* sp., *Bacillus* sp., *Cutibacterium* sp., *Porticoccus* sp. and *Pseudomonas* sp.) were found in all the compost samples, which may suggest that these bacteria are very well adapted and established in the BPCP ecosystem and play an essential role in the degradation of the organic matter. The presence of these genera has also been reported in compost derived from a variety of materials (Aydin et al., 2015; Bouhia et al., 2022; Horisawa et al., 2008; Sundberg et al., 2011; Zhang et al., 2014). This is likely due to their ability to produce hydrolytic enzymes, including hemicellulases, cellulases, proteases, and lipases (Table 4), which are closely related to organic matter degradation.

Table 4. Major characteristics of the bacteria identified in the BPCP in Mexico City.

Microorganism	Origin and enzyme production	References
<i>Acinetobacter albensis</i>	Isolated from bodies of water, surfaces of stored fish, and commonly found in soil. Produce proteases.	Al Atrouni <i>et al.</i> , 2016; Kaszab <i>et al.</i> , 2021; Krizova <i>et al.</i> , 2015
<i>Acinetobacter equi</i>	Horse faeces and soil. Bacteria capable of reducing nitrates, utilizing L-arabinose, caproate, malate, citrate and producing organic acids from D-glucose.	Al Atrouni <i>et al.</i> , 2016; Poppel <i>et al.</i> , 2016
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	Isolated from activated sludge, bodies of water, stored fish, wastewater, soils contaminated with pesticides, food and compost	Al Atrouni <i>et al.</i> , 2016; Kaszab <i>et al.</i> , 2021
<i>Acinetobacter</i> spp.	Water, soil, meat, fish, shrimp, sediments, plant nectar, animals, farms, biogas plants, aerobic digesters and contaminated soils.	Al Atrouni <i>et al.</i> , 2016; Pulami <i>et al.</i> , 2023
<i>Bacillus benzoevorans</i>	Isolated from soils, landfills. Degradation of phenolic compounds, hemicellulases, laccases, ammonium, and sulfate-reducing enzymes.	Madani <i>et al.</i> , 2021
<i>Bacillus</i> sp.	Isolated from soil, water, decomposing plant material, industrial and extreme environments. Used in inoculum for the degradation of plant organic matter. Herbicide degrader produces $\alpha$ -amylases, alkaline proteases, lipases, cellulases.	Qian <i>et al.</i> , 2023; G. Zhao <i>et al.</i> , 2023
<i>Cutibacterium</i> sp.	Present in the rhizosphere of healthy soils. The presence of phytopathogenic fungi stimulates its presence in diseased soils.	T. Lin <i>et al.</i> , 2023
<i>Porticoccus</i> sp.	Found in mangrove sediments, a phenanthrene and hydrocarbon-degrading microorganism.	Gao <i>et al.</i> , 2022; Tiralerdpanich <i>et al.</i> , 2021
<i>Pseudomonas</i> sp.	Degradation of aromatic hydrocarbons, phenols, plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR), biocontrol, plant and animal pathogen, isolated from soil and compost. Cellulases and lipases.	Azhdarpoor <i>et al.</i> , 2014
<i>Saccharopolyspora</i> sp.	Isolated from soil. Some species can degrade complex polymers such as starch and xylan. Antibiotic production.	Oliynyk <i>et al.</i> , 2007; Saygin <i>et al.</i> , 2021
<i>Variovorax</i> sp.	Isolated from soil. Capable of degrading phthalates, polylactic acid, polyhydroxyalkanoates. Produces cellulases, proteases.	Han <i>et al.</i> , 2016; Prasad & Suresh, 2012
<i>Xanthomonas</i> sp.	Plant pathogen, soil isolates, insect gut isolates. Degradation and bioconversion of polyurethane (polyacrylic, polyester and polyether).	Kim <i>et al.</i> , 2022; Rahman <i>et al.</i> , 2014

*Acinetobacter equi* was present in all the samples collected between March 2013 and March 2014. It was subsequently identified in a sample collected in September. *Acinetobacter* spp. is worthy of particular attention, given that they have been isolated from a variety of compost samples (Sundberg *et al.*, 2011). They have been reported to be a bacterium capable of degrading oils and acting as an adjuvant in the bioremediation of soils (C. Lin *et al.*, 2022; Van Gestel *et al.*, 2003). Additionally, they can partially degrade low-molecular-weight polyethylene oligomers, a precursor material for plastics. This genus has been identified in a considerable number of the different OTUs selected (27 in total), potentially due to the

variable number of copies of the ribosomal operon per bacterial genome, which can range from one to 15 copies, with seven copies observed in the case of *Acinetobacter* sp. (del Rosario Rodicio & del Carmen Mendoza, 2004) as the copies differ in sequence, they can be detected as different OTUs.

Given the paucity of studies in this area, a comparison with the only available work in which the microbial diversity of the BPCP was analyzed is essential to contextualize our findings, despite the evident differences in terms of temporality and sample type (mature compost vs. leachates) and in the microbial groups analyzed (bacteria and fungi vs. bacteria and archaea). The finding that, in both cases,

the presence of bacteria of the genus *Acinetobacter* was found in higher proportion in all samples analyzed (Gállego Bravo et al., 2019) is of particular interest.

### 3.4 Analysis of fungal communities by PCR DGGE

Figure 2S (supplementary material) presents the DGGE profiles for fungi obtained for each of the compost samples under study. A total of 52 OTUs were selected from 250 bands identified by the GelQuant program. A total of 24 OTUs were identified, although in some instances, the same information was provided by different OTUs due to the DGGE technique detecting mutations that may result in changes to the position of the bands detected in comparison to wild types (Strathdee & Free, 2013). Table 5 presents the identified fungi in each compost sample, including the identity (%) for each of the sequences analyzed. Similarly, as in the analysis of bacteria, fungi could be assigned at the species level following the attainment of a percentage of identity exceeding 98.5 %. Conversely, those samples exhibiting lower values below the genus level were assigned. Three fungal species were consistently detected in all samples, namely *Botryotrichum* sp., *Metarhizium anisopliae* and *Peniophora* sp. In contrast, the remaining fungal species exhibited intermittent detection. Some fungi were detected at three consecutive sampling times, while others were not. This was the case for *Aspergillus niger* and *Thermomyces dupontii*, which appeared in the same samples. *Preussia* sp. was not detected in the initial samples. It was first observed in the NOV14 sample, after which it was consistently present in all subsequent samples. Its appearance may be associated with the modernization and standardization of the composting process that occurred in 2014, as previously mentioned. In the three samples collected in

March, the following fungi were detected: *Aspergillus flavus*, *Botryotrichum* sp., *Metarhizium anisopliae*, *Peniophora* sp., and *Scopulariopsis* sp. This indicates that some of the previously identified fungi persisted. Table 6 provides a detailed description of the major characteristics of the identified fungi. Regarding their provenance, numerous reports have indicated that a significant proportion of these fungi have been identified in soil, as part of the wider ecosystem, or as plant endophytes. Nevertheless, research has indicated that these fungi can cause disease in plant species, including *Aspergillus flavus*, *Exophiala* sp., *Fusarium* sp. and *Scopulariopsis* sp. All the fungi identified in this study have been extensively studied as producers of extracellular hydrolytic enzymes, which are related to organic matter degradation. This is because they are found in sites with abundant organic matter that can be used as a carbon and nitrogen source. Some fungal genera warrant particular attention, including *Aspergillus niger*, *Diutina rugosa* and *Thermomyces dupontii*. These have been extensively studied and present biotechnological potential for use in several industrial sectors (Christopher et al., 2005; C. Lin et al., 2022; Sonia et al., 2005).

## Conclusions

Our results contribute to understand the dynamics of microbial communities in complex systems such as composting. It is important to note that the stability of microbial communities in plants or sites operated for long periods is a phenomenon that is influenced by different environmental factors and operational variables such as turning, aeration, humidity and temperature control, among other factors. This makes some of these sites subject to constant disturbances.

Table 5. Identified fungi in each of the samples obtained from the BPCP in Mexico City. An asterisk indicates the samples in which each of the fungi was detected. The percentage of identity is expressed in comparison to the NCBI database.

Microorganism	Identity (%)	Sample														
		2013				2014				2015						
		MAR	MAY	SEP	OCT	FEB	MAR	MAY	JUL	SEP	OCT	NOV	FEB	MAR	MAY	SEP
<i>Aspergillus flavus</i> (3)	> 98.8	*		*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Aspergillus niger</i> (1)	100	*	*	*		*	*	*		*	*	*	*	*	*	*
<i>Botryotrichum</i> sp. (3)	> 97.6	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Diutina rugosa</i> (3)	> 98.5	*		*						*	*		*	*	*	*
<i>Exophiala</i> sp.	95.2			*			*			*			*	*		*
<i>Exserohilum rostratum</i>	98.4			*								*	*		*	
<i>Fusarium</i> sp.	100	*			*	*				*						
<i>Gymnascella aurantiaca</i>	97.8		*				*	*	*						*	
<i>Metarhizium anisopliae</i>	100	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Peniophora</i> sp. (3)	>98.4	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Pichia kudriavzevii</i>	99.4	*		*						*	*					*
<i>Preussia</i> sp.	95.2											*	*	*	*	*
<i>Scopulariopsis</i> sp.	97.9	*	*	*	*	*	*	*		*		*	*	*	*	*
<i>Thermomyces dupontii</i> (2)	> 98.8	*	*	*	*	*	*	*		*	*	*	*	*	*	*
<i>Thermomyces</i> sp.	98.2		*				*	*	*						*	



Table 6. Major characteristics of the fungi identified in the BPCP of Mexico City in this study.

Microorganism	Origin and enzyme production	References
<i>Aspergillus flavus</i>	Isolated from soil. Plant pathogen. Produces aflatoxins, polygalacturonases, laccases and xylanases.	(de Alencar Guimaraes <i>et al.</i> , 2013)
<i>Aspergillus niger</i>	Soil fungus used in second-generation biofuel production. Hemicellulases, pectinases and xylanases.	(Gomes <i>et al.</i> , 2011)
<i>Botryotrichum sp.</i>	Isolated from pig manure compost, heavy metal passivation produces cellulases. Antibiotic synthesis in compost.	(Wu <i>et al.</i> , 2022; B. Zhao <i>et al.</i> , 2023)
<i>Diutina rugosa</i>	Production and immobilization of lipases; isolated from soil and oral cavities.	(Barton, 2011)
<i>Exophiala sp.</i>	Aquatic environments, pathogen of aquatic plants and animals. Chitinases and keratinases.	(do Nascimento <i>et al.</i> , 2016)
<i>Exserohilum rostratum</i>	Endophyte of orchids, causing mycosis in humans.	(Chua <i>et al.</i> , 2022)
<i>Fusarium sp.</i>	Isolated from plants and soil, plant pathogens and endophytes. Cellulases and hemicellulases.	(Chua <i>et al.</i> , 2022; Kashiwa <i>et al.</i> , 2017)
<i>Gymnascella aurantiaca</i>	Isolated from soil. Production of keratinases.	(Scott & Untereiner, 2004)
<i>Metarhizium anisopliae</i>	Entomopathogen of plants, found in soil. Produces lipases, hemicellulases.	(Aw & Hue, 2017)
<i>Peniophora sp.</i>	Isolated from wood, plant pathogen. Produces hemicellulases, cellulases.	(Lee <i>et al.</i> , 2015)
<i>Pichia kudriavzevii</i>	Yeast isolated from fermented fruits. Used for second-generation bioethanol production.	(Hoppert <i>et al.</i> , 2022)
<i>Preussia sp.</i>	Present in soil, activator of nitrogen variation inside cow manure compost. Producer of phytohormones, phosphatases and glucosidases.	(Khan <i>et al.</i> , 2016; Sun <i>et al.</i> , 2022)
<i>Scopulariopsis sp.</i>	Soil, plant material and insects; wheat cultivation fields and soil, plant pathogen. Produces cellulases, keratinases and chitinases.	(Sharaf & Khalil, 2011; Skóra <i>et al.</i> , 2014)
<i>Thermomyces dupontii</i>	Soil, compost; plant pathogen. Produces chitinases, glucosidases and xylanases.	(Nisar <i>et al.</i> , 2022)
<i>Thermomyces sp.</i>	Soil; production of xylanase, hemicellulases, lipases enzymes.	(Sun <i>et al.</i> , 2022)

Furthermore, the composition of municipal solid waste in large cities such as Mexico City and its Metropolitan Zone is characterized by significant heterogeneity, resulting from a combination of socioeconomic, demographic and seasonal factors. All the samples collected were found to meet the criteria for classification as stable compost according to Mexican and international standards. A total of 111 operational taxonomic units (OTUs) were identified in 15 compost samples. Eight bacterial genera and 15 fungal genera were observed, suggesting a greater fungal diversity than bacterial diversity. Nine microorganisms (*Acinetobacter* spp., *Bacillus* sp., *Cutibacterium* sp., *Pseudomonas* sp., *Porticoccus* sp., *Botryotrichum* sp., *Metarhizium anisopliae* and *Peniophora* sp.) were present in all the samples, indicating that these microorganisms are adapted and distributed in that ecosystem. All the identified microorganisms exhibited enzymatic activities related to organic matter degradation, with a clear preference for plant-derived substrates.

### Acknowledgements

The authors would like to express their gratitude to the National Council of Humanities, Science and Technology (CONAHCyT, Mexico) for scholarship number 280485 granted to LMM and for funding project number 215467. Special thanks to the staff of the Bordo Poniente Composting Plant (BPCP, West Rim Composting Plant) in Mexico City for providing facilities for sample collection and to Alejandra Serrato Ph.D. (†), from the Divisional Laboratory of Molecular Biology at UAM-I, for her invaluable contributions to the techniques employed. This work is dedicated to her memory.

### Nomenclature

16S rDNA	Ribosomal 16S RNA gene
1X	Final stock concentration
A <sub>260</sub> /A <sub>280</sub>	Absorbance ratio
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool

BPCP	Bordo Poniente Composting Plant (West Rim Composting Plant)
C/N	Carbon/Nitrogen ratio
DGGE	Denaturing gradient gel electrophoresis
DNA	Deoxyribonucleic acid
DNS	Dinitro salicylic acid
DM	Dry matter
× g	Gravity
IDM	Initial dry matter
ITS	Internal transcribed spacer
NCBI	National Center for Biotechnology Information
OTU	Operational taxonomic unit
OSW	Organic solid waste
RS	Reducing sugars
t	Metric ton (1000 kg)
TAE	Tris-acetate-EDTA
TMECC	Test methods for the examination of composting and compost

## References

- Al Atrouni, A., Joly-Guillou, M.-L., Hamze, M., & Kempf, M. (2016). Reservoirs of non-*baumannii* *Acinetobacter* species. *Frontiers in Microbiology*, 7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00049>
- Aw, K. M. S., & Hue, S. M. (2017). Mode of infection of *Metarhizium* spp. fungus and their potential as biological control agents. *Journal of Fungi*, 3(2), 30. <https://doi.org/10.3390/jof3020030>
- Aydin, S., Shahi, A., Ozbayram, E. G., Ince, B., & Ince, O. (2015). Use of PCR-DGGE based molecular methods to assessment of microbial diversity during anaerobic treatment of antibiotic combinations. *Bioresource Technology*, 192, 735–740. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.05.086>
- Azhdarpoor, A., Mortazavi, B., & Moussavi, G. (2014). Oily wastewaters treatment using *Pseudomonas* sp. isolated from the compost fertilizer. *Journal of Environmental Health Science and Engineering*, 12(1). <https://doi.org/10.1186/2052-336x-12-77>
- Azim, K., Soudi, B., Boukhari, S., Perissol, C., Roussos, S., & Thami Alami, I. (2017). Composting parameters and compost quality: a literature review. *Organic Agriculture*, 8(2), 141–158. <https://doi.org/10.1007/s13165-017-0180-z>
- Barrena, R., d'Imporzano, G., Ponsá, S., Gea, T., Artola, A., Vázquez, F., Sánchez, A., & Adani, F. (2009). In search of a reliable technique for the determination of the biological stability of the organic matter in the mechanical-biological treated waste. *Journal of Hazardous Materials*, 162(2–3), 1065–1072. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2008.05.141>
- Barton, R. C. (2011). *Candida rugosa*: a new fungal pathogen emerging, but from where? *Journal of Medical Microbiology*, 60(3), 265–266. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.029199-0>
- Bouhia, Y., Hafidi, M., Ouhdouch, Y., El Boukhari, M. E. M., El Fels, L., Zeroual, Y., & Lyamlouli, K. (2022). Microbial community succession and organic pollutants removal during olive mill waste sludge and green waste co-composting. *Frontiers in Microbiology*, 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.814553>
- Burr, M. D., Clark, S. J., Spear, C. R., & Camper, A. K. (2006). Denaturing gradient gel electrophoresis can rapidly display the bacterial diversity contained in 16S rDNA clone libraries. *Microbial Ecology*, 51(4), 479–486. <https://doi.org/10.1007/s00248-006-9050-z>
- Castilla-Hernández, P., Cárdenas-Medina, K., Hernández-Fydrych, V., Fajardo-Ortiz, C., & Meraz-Rodríguez, M. (2016). Compost leachates treatment in a two-phase acidogenic-methanogenic system for biofuels production. *Revista Mexicana de Ingeniería Química*, 15(1), 175–183.
- Chen, M., Lan, X., Zhu, L., Ru, P., Liu, H., & Xu, W. (2023). Nucleic acid-aided molecular amplification techniques for food microorganism detection. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 165, 117116. <https://doi.org/10.1016/j.trac.2023.117116>
- Christopher, L., Bissoon, S., Singh, S., Szendefy, J., & Szakacs, G. (2005). Bleach-enhancing abilities of *Thermomyces lanuginosus* xylanases produced by solid state fermentation. *Process Biochemistry*, 40(10), 3230–3235. <https://doi.org/10.1016/j.procbio.2005.03.027>
- Chua, R. W., Song, K. P., & Ting, A. S. Y. (2022). Antimicrobial activities and phytochemical screening of endophytic fungi isolated from *Cymbidium* and *Dendrobium* orchids. *South African Journal of Botany*, 151, 909–918. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2022.11.015>
- de Alencar Guimaraes, N. C., Sorgatto, M., Peixoto-Nogueira, S. de C., Betini, J. H.

- A., Zanoelo, F. F., Marques, M. R., de Moraes Polizeli, M. de L. T., & Giannesi, G. C. (2013). Bioprocess and biotechnology: effect of xylanase from *Aspergillus niger* and *Aspergillus flavus* on pulp biobleaching and enzyme production using agroindustrial residues as substrate. *SpringerPlus*, 2(1). <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-380>
- del Rosario Rodicio, M., & del Carmen Mendoza, M. (2004). Identificación bacteriana mediante secuenciación del ARNr 16S: fundamento, metodología y aplicaciones en microbiología clínica. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 22(4), 238–245. [https://doi.org/10.1016/s0213-005x\(04\)73073-6](https://doi.org/10.1016/s0213-005x(04)73073-6)
- do Nascimento, M. M. F., de Hoog, G. S., Gomes, R. R., Furuie, J. L., Gelinski, J. M. L., Najafzadeh, M. J., Boeger, W. A. P., & Vicente, V. A. (2016). Shared physiological traits of *Exophiala* species in cold-blooded vertebrates, as opportunistic black yeasts. *Mycopathologia*, 181(5–6), 353–362. <https://doi.org/10.1007/s11046-016-0001-z>
- Estrada-Martínez, R., Carrillo-Sancen, G., Cerón-Montes, G. I., Garrido-Hernández, A., & Martínez-Valdez, F. J. (2021). Mathematical modeling for monitoring and controlling aerobic degradation conditions of the organic fraction of urban solid waste. *Revista Mexicana de Ingeniería Química*, 20(3), 1–20. <https://doi.org/10.24275/rmiq/IA2479>
- Forney, L., Zhou, X., & Brown, C. (2004). Molecular microbial ecology: land of the one-eyed king. *Current Opinion in Microbiology*, 7(3), 210–220. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2004.04.015>
- Francou, C., Le Villio-Poitrenaud, M., & Houot, S. (2007). Influence de la nature des déchets compostés sur la vitesse de stabilisation de la matière organique au cours du compostage. *Techniques Sciences Méthodes*, 5, 35–43. <https://doi.org/10.1051/tsm/200705035>
- Gállego Bravo, A.K., Salcedo Serrano, D.A., López Jiménez, G., Nirmalkar, K., Murugesan, S., García-Mena, J., Gutiérrez Castillo, M.E., & Tovar Gálvez, L.R. (2019). Microbial profile of the leachate from Mexico City's Bordo Poniente Composting Plant: an inoculum to digest organic waste. *Energies*, 12, 2343. <https://doi.org/10.3390/en12122343>
- Gan, J., Montaña, G., Fajardo, C., Meraz, M., & Castilla, P. (2013). Anaerobic co-treatment of leachates produced in a biodegradable urban solid waste composting plant in Mexico City. *Revista Mexicana de Ingeniería Química*, 12(3), 541–551.
- Gao, Y., Yuan, L., Du, J., Wang, H., Yang, X., Duan, L., Zheng, L., Bahar, M. M., Zhao, Q., Zhang, W., Liu, Y., Fu, Z., Wang, W., & Naidu, R. (2022). Bacterial community profile of the crude oil-contaminated saline soil in the Yellow River Delta Natural Reserve, China. *Chemosphere*, 289, 133207. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2021.133207>
- García-Uitz, K., Cruz, J.C., León-Pech, M.G., Moreno-Andrade, I., Giacomán-Vallejos, G., & Ponce-Caballero, C. (2024). Isolation and characterization of microbial diversity in phenanthrene-degrading consortia in a pollution zone in Ciudad del Carmen, Mexico. *Revista Mexicana de Ingeniería Química*, 23(2), Bio24241. <https://doi.org/10.24275/rmiq/Bio24241>
- Gomes, J., Zeni, J., Cence, K., Toniazzo, G., Treichel, H., & Valduga, E. (2011). Evaluation of production and characterization of polygalacturonase by *Aspergillus niger* ATCC 9642. *Food and Bioprocess Processing*, 89(4), 281–287. <https://doi.org/10.1016/j.fbp.2010.10.002>
- Guo, R., Li, G., Jiang, T., Schuchardt, F., Chen, T., Zhao, Y., & Shen, Y. (2012). Effect of aeration rate, C/N ratio and moisture content on the stability and maturity of compost. *Bioresource Technology*, 112, 171–178. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2012.02.099>
- Han, S.-R., Lee, J.-H., Kang, S., Park, H., & Oh, T.-J. (2016). Complete genome sequence of opine-utilizing *Variovorax* sp. strain PAMC28711 isolated from an Antarctic lichen. *Journal of Biotechnology*, 225, 46–47. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2016.03.042>
- Hoppert, L., Kölling, R., & Einfalt, D. (2022). Investigation of stress tolerance of *Pichia kudriavzevii* for high gravity bioethanol production from steam-exploded wheat straw hydrolysate. *Bioresource Technology*, 364, 128079. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.128079>
- Horisawa, S., Sakuma, Y., Nakamura, Y., & Doi, S. (2008). Profiling of a microbial community under confined conditions in a fed-batch garbage decomposer by denaturing gradient gel electrophoresis. *Bioresource Technology*, 99(8), 3084–3093. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2007.05.054>

- Jimenez-Rodriguez, J. E., Martínez-Valdez, F. J., Estrada-Martínez, R., Monrroy-Hermosillo, O., Saucedo-Castañeda, G., & Ramirez-Vives, F. (2020). Effect of incubation conditions on the aerobic pretreatment of the organic solid wastes and the volatile fatty acids production. *Revista Mexicana de Ingeniería Química*, 19(3), 1027–1040. <https://doi.org/10.24275/rmiq/Bio849>
- Kashiwa, T., Kozaki, T., Ishii, K., Turgeon, B. G., Teraoka, T., Komatsu, K., & Arie, T. (2017). Sequencing of individual chromosomes of plant pathogenic *Fusarium oxysporum*. *Fungal Genetics and Biology*, 98, 46–51. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2016.12.001>
- Kaszab, E., Farkas, M., Radó, J., Micsinai, A., Nyíró-Fekete, B., Szabó, I., Kriszt, B., Urbányi, B., & Szoboszlai, S. (2021). Novel members of bacterial community during a short-term chilled storage of common carp (*Cyprinus carpio*). *Folia Microbiologica*, 67(2), 299–310. <https://doi.org/10.1007/s12223-021-00935-4>
- Khan, A. L., Asaf, S., Khan, A. R., Al-Harrasi, A., Al-Rawahi, A., & Lee, I.-J. (2016). First draft genome sequencing of indole acetic acid producing and plant growth promoting fungus *Preussia* sp. BSL10. *Journal of Biotechnology*, 225, 44–45. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2016.03.025>
- Kim, J.-H., Choi, S. H., Park, M. G., Park, D. H., Son, K.-H., & Park, H.-Y. (2022). Biodegradation of polyurethane by Japanese carpenter bee gut-associated symbionts *Xanthomonas* sp. HY-71, and its potential application on bioconversion. *Environmental Technology & Innovation*, 28, 102822. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2022.102822>
- Krizova, L., Maixnerova, M., Sedo, O., & Nemeč, A. (2015). *Acinetobacter albensis* sp. nov., isolated from natural soil and water ecosystems. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65(Pt\_11), 3905–3912. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000511>
- Kumar Singh, Y., Kalamdhad, A. S., Ali, M., & Kazmi, A. A. (2009). Maturation of primary stabilized compost from rotary drum composter. *Resources, Conservation and Recycling*, 53(7), 386–392. <https://doi.org/10.1016/j.resconrec.2009.02.004>
- Lee, H., Jang, Y., Lee, Y. M., Lee, H., Kim, G.-H., & Kim, J.-J. (2015). Enhanced removal of PAHs by *Peniophora incarnata* and ascertainment of its novel ligninolytic enzyme genes. *Journal of Environmental Management*, 164, 10–18. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2015.08.036>
- Lin, C., Cheruiyot, N. K., Bui, X.-T., & Ngo, H. H. (2022). Composting and its application in bioremediation of organic contaminants. *Bioengineered*, 13(1), 1073–1089. <https://doi.org/10.1080/21655979.2021.2017624>
- Lin, T., Li, L., Gu, X., Owusu, A. M., Li, S., Han, S., Cao, G., Zhu, T., & Li, S. (2023). Seasonal variations in the composition and diversity of rhizosphere soil microbiome of bamboo plants as infected by soil-borne pathogen and screening of associated antagonistic strains. *Industrial Crops and Products*, 197, 116641. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2023.116641>
- Loreto-Muñoz, C.D., López-Avilés, G., De la Cruz-Leyva, M.C., Martín-García, A.R., & Almendariz-Tapia F.J. (2024). Sulfidogenic activity related to microbial diversity in a biological system employed for sulfate-rich wastewater treatment. *Revista Mexicana de Ingeniería Química*, 23(1), IA24167. <https://doi.org/10.24275/rmiq/IA24167>
- Madani, R. M., Liang, J., Cui, L., Zhang, D., Otitoju, T. A., Elsalahi, R. H., & Song, X. (2021). Novel simultaneous anaerobic ammonium and sulfate removal process: A review. *Environmental Technology & Innovation*, 23, 101661. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2021.101661>
- Maeda, K., Hanajima, D., Morioka, R., & Osada, T. (2010). Characterization and spatial distribution of bacterial communities within passively aerated cattle manure composting piles. *Bioresource Technology*, 101(24), 9631–9637. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.07.057>
- Martínez-Valdez, F. J., Martínez-Ramírez, C., Martínez-Montiel, L., Favela-Torres, E., Soto-Cruz, N. O., Ramírez-Vives, F., & Saucedo-Castañeda, G. (2015). Rapid mineralisation of the organic fraction of municipal solid waste. *Bioresource Technology*, 180, 112–118. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2014.12.083>
- Miller, G. L., Blum, R., Glennon, W. E., & Burton, A. L. (1960). Measurement of carboxymethylcellulase activity. *Analytical Biochemistry*, 1(2), 127–132. [https://doi.org/10.1016/0003-2697\(60\)90004-x](https://doi.org/10.1016/0003-2697(60)90004-x)



- Neilson, J. W., Jordan, F. L., & Maier, R. M. (2013). Analysis of artifacts suggests DGGE should not be used for quantitative diversity analysis. *Journal of Microbiological Methods*, 92(3), 256–263. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2012.12.021>
- Nisar, K., Abdullah, R., Kaleem, A., Iqtedar, M., Aftab, M., & Saleem, F. (2022). Purification, characterization and thermodynamic analysis of cellulases produced from *Thermomyces dupontii* and its industrial applications. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 29(12), 103483. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103483>
- Noor, R. S., Shah, A. N., Tahir, M. B., Umair, M., Nawaz, M., Ali, A., Ercisli, S., Abdelsalam, N. R., Ali, H. M., Yang, S. H., Ullah, S., & Assiri, M. A. (2024). Recent trends and advances in additive-mediated composting technology for agricultural waste resources: A comprehensive review. *ACS Omega*, 9(8), 8632–8653. <https://doi.org/10.1021/acsomega.3c06516>
- Noyola, A., Hernández, B., Paredes, R., & Ayala, C. (2014). *Inventario de residuos sólidos de la Ciudad de México*.
- Olfá, F. (2013). The maturity tests during the composting of municipal solid wastes. *Resources, Conservation and Recycling*, 72, 43–49. <https://doi.org/10.1016/j.resconrec.2012.12.001>
- Oliynyk, M., Samborsky, M., Lester, J. B., Mironenko, T., Scott, N., Dickens, S., Haydock, S. F., & Leadlay, P. F. (2007). Complete genome sequence of the erythromycin-producing bacterium *Saccharopolyspora erythraea* NRRL23338. *Nature Biotechnology*, 25(4), 447–453. <https://doi.org/10.1038/nbt1297>
- Pandey, P., Chowdhury, D., & Wang, Y. (2024). Denaturing gradient gel electrophoresis approach for microbial shift analysis in thermophilic and mesophilic anaerobic digestions. *Gels*, 10(5), 339. <https://doi.org/10.3390/gels10050339>
- Perkin Elmer Company. (2005). *Protocol-OHHW CHNS/O Analyser 2400 Series II*. [https://Resources.PerkinElmer.Com/Lab-Solutions/Resources/Docs/Bro\\_2400\\_seriesii\\_chnso\\_elemental\\_analysis.Pdf](https://Resources.PerkinElmer.Com/Lab-Solutions/Resources/Docs/Bro_2400_seriesii_chnso_elemental_analysis.Pdf). Retrieved Date: 2024.05.01.
- Piterina, A. V., & Pembroke, J. T. (2013). Use of PCR-DGGE based molecular methods to analyse microbial community diversity and stability during the thermophilic stages of an ATAD wastewater sludge treatment process as an aid to performance monitoring. *ISRN Biotechnology*, 2013, 1–13. <https://doi.org/10.5402/2013/162645>
- Poppel, M. T., Skiebe, E., Laue, M., Bergmann, H., Ebersberger, I., Garn, T., Fruth, A., Baumgardt, S., Busse, H.-J., & Wilharm, G. (2016). *Acinetobacter equi* sp. nov., isolated from horse faeces. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(2), 881–888. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000806>
- Prasad, B., & Suresh, S. (2012). Biodegradation of phthalate esters by *Variovorax* sp. *APCBEE Procedia*, 1, 16–21. <https://doi.org/10.1016/j.apcbee.2012.03.004>
- Programa General de Desarrollo del Distrito Federal 2013-2018, Gaceta Oficial del Distrito Federal (2013).
- Pulami, D., Kämpfer, P., & Glaeser, S. P. (2023). High diversity of the emerging pathogen *Acinetobacter baumannii* and other *Acinetobacter* spp. in raw manure, biogas plants digestates, and rural and urban wastewater treatment plants with system specific antimicrobial resistance profiles. *Science of The Total Environment*, 859, 160182. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.160182>
- Qian, J., Wang, Y., Hu, Z., Shi, T., Wang, Y., Ye, C., & Huang, H. (2023). *Bacillus* sp. as a microbial cell factory: Advancements and future prospects. *Biotechnology Advances*, 69, 108278. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2023.108278>
- Rahman, A., Islam, R., Al-Reza, S. M., & Kang, S. C. (2014). In vitro control of plant pathogenic *Xanthomonas* spp. using *Poncirus trifoliata* Rafin. *EXCLI Journal*, 13, 1104–1110.
- Rastogi, M., Nandal, M., & Khosla, B. (2020). Microbes as vital additives for solid waste composting. *Helicon*, 6(2), e03343. <https://doi.org/10.1016/j.helicon.2020.e03343>
- Sanguinetti, C. J., Dias Neto, E., & Simpson, A. J. (1994). Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. *BioTechniques*, 17(5), 914–921.
- Saygin, H., Ay, H., Guven, K., Inan-Bektas, K., Cetin, D., & Sahin, N. (2021). *Saccharopolyspora karakumensis* sp. nov., *Saccharopolyspora elongata* sp. nov., *Saccharopolyspora aridisoli* sp. nov., *Saccharopolyspora terrae* sp. nov.

- and their biotechnological potential revealed by genome analysis. *Systematic and Applied Microbiology*, 44(6), 126270. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2021.126270>
- Scott, J. A., & Untereiner, W. A. (2004). Determination of keratin degradation by fungi using keratin azure. *Medical Mycology*, 42(3), 239–246. <https://doi.org/10.1080/13693780310001644680>
- SEDEMA. (2011). *Secretaría del Medio Ambiente del Distrito Federal. Norma ambiental para el Distrito Federal NADF-020-AMBT-2011, que establece los requerimientos mínimos para la producción de composta a partir de la fracción orgánica de los residuos sólidos urbanos, agrícolas, pecuarios y forestales, así como las especificaciones mínimas de calidad de la composta producida y/o distribuida en el Distrito Federal.* [http://Data.Sedema.Cdmx.Gob.Mx/Padla/Images/Stories/Normatividaddf/Nadf\\_020\\_ambt\\_2011.Pdf](http://Data.Sedema.Cdmx.Gob.Mx/Padla/Images/Stories/Normatividaddf/Nadf_020_ambt_2011.Pdf). Retrieved Date: 2024.05.01
- SEDEMA. (2022). *Secretaría del Medio Ambiente del Distrito Federal. Inventario de Residuos Sólidos 2022.* [https://www.Sedema.Cdmx.Gob.Mx/Storage/App/Media/DGCPA/Residuos/IRS\\_2022\\_Completo.Pdf](https://www.Sedema.Cdmx.Gob.Mx/Storage/App/Media/DGCPA/Residuos/IRS_2022_Completo.Pdf). Retrieved Date: 2024.05.01.
- SEMARNAT. (2021). *Basic diagnosis of the integral management of waste.* [www.gob.mx/inecc](http://www.gob.mx/inecc)
- Sharaf, E. F., & Khalil, N. M. (2011). Keratinolytic activity of purified alkaline keratinase produced by *Scopulariopsis brevicaulis* (Sacc.) and its amino acids profile. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 18(2), 117–121. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2010.12.011>
- Skóra, M., Macura, A. B., & Bulanda, M. (2014). In vitro antifungal susceptibility of *Scopulariopsis brevicaulis* isolates. *Medical Mycology*, 52(7), 723–727. <https://doi.org/10.1093/mmy/myu039>
- Sonia, K., Chadha, B., & Saini, H. (2005). *Sorghum* straw for xylanase hyper-production by (DW) under solid-state fermentation. *Bioresource Technology*, 96(14), 1561–1569. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2004.12.037>
- Strathdee, F., & Free, A. (2013). Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (DGGE). In *DNA Electrophoresis* (pp. 145–157). Humana Press. [https://doi.org/10.1007/978-1-62703-565-1\\_9](https://doi.org/10.1007/978-1-62703-565-1_9)
- Sun, Y., Liu, X., Sun, L., Men, M., Wang, B., Deng, L., Zhao, L., Han, Y., Jong, C., Bi, R., Zhao, M., Li, X., Liu, W., Shi, S., Gai, Z., & Xu, X. (2022). Microecological insight to fungal structure and key fungal communities regulating nitrogen transformation based on spatial heterogeneity during cow manure composting by multi-angle and multi-aspect analyses. *Waste Management*, 142, 132–142. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2022.02.013>
- Sundberg, C., Franke-Whittle, I. H., Kauppi, S., Yu, D., Romantschuk, M., Insam, H., & Jönsson, H. (2011). Characterisation of source-separated household waste intended for composting. *Bioresource Technology*, 102(3), 2859–2867. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.10.075>
- Thompson, W., Leege, P., Millner, P., & Watson, M. (2001). *Test methods for the examination of composting and compost (TMECC).*
- Tiralerdpanich, P., Nasaree, S., Pinyakong, O., & Sonthiphand, P. (2021). Variation of the mangrove sediment microbiomes and their phenanthrene biodegradation rates during the dry and wet seasons. *Environmental Pollution*, 289, 117849. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.117849>
- Tu Anh, P. N., Thu Hang, P. T., Quynh Tram, L. T., Minh, N. T., & Dang Khoa, D. H. (2018). Comparison efficacy of its and 18s rDNA primers for detection of fungal diversity in compost material by PCR-DGGE technique. *Vietnam Journal of Biotechnology*, 15(4), 729–735. <https://doi.org/10.15625/1811-4989/15/4/13416>
- US Composting Council. (2023). *Compost characteristics.* <https://www.Compostingcouncil.Org/Page/CompostCharacteristics?&hsearchterms=%22compost+and+characteristics%22>. Retrieved Date: 2024.05.01.
- Van Gestel, K., Mergaert, J., Swings, J., Coosemans, J., & Ryckeboer, J. (2003). Bioremediation of diesel oil-contaminated soil by composting with biowaste. *Environmental Pollution*, 125(3), 361–368. [https://doi.org/10.1016/s0269-7491\(03\)00109-x](https://doi.org/10.1016/s0269-7491(03)00109-x)
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In *PCR Protocols* (pp. 315–322). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-372180-8.50042-1>

- Wilfinger, W. W., Mackey, K., & Chomczynski, P. (1997). Effect of pH and ionic strength on the spectrophotometric assessment of nucleic acid purity. *BioTechniques*, 22(3), 474–481. <https://doi.org/10.2144/97223st01>
- Wu, R., Long, M., Tai, X., Wang, J., Lu, Y., Sun, X., Tang, D., & Sun, L. (2022). Microbiological inoculation with and without biochar reduces the bioavailability of heavy metals by microbial correlation in pig manure composting. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 248, 114294. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2022.114294>
- Xi, B., He, X., Dang, Q., Yang, T., Li, M., Wang, X., Li, D., & Tang, J. (2015). Effect of multi-stage inoculation on the bacterial and fungal community structure during organic municipal solid wastes composting. *Bioresource Technology*, 196, 399–405. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.07.069>
- Xiao, Y., Zeng, G.-M., Yang, Z.-H., Shi, W.-J., Huang, C., Fan, C.-Z., & Xu, Z.-Y. (2009). Continuous thermophilic composting (CTC) for rapid biodegradation and maturation of organic municipal solid waste. *Bioresource Technology*, 100(20), 4807–4813. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2009.05.013>
- Yamamoto, N., & Nakai, Y. (2019). Microbial community dynamics during the composting process of animal manure as analyzed by molecular biological methods. In *Understanding Terrestrial Microbial Communities* (pp. 151–172). Springer International Publishing. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-10777-2\\_6](https://doi.org/10.1007/978-3-030-10777-2_6)
- Zhang, X., Zhong, Y., Yang, S., Zhang, W., Xu, M., Ma, A., Zhuang, G., Chen, G., & Liu, W. (2014). Diversity and dynamics of the microbial community on decomposing wheat straw during mushroom compost production. *Bioresource Technology*, 170, 183–195. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2014.07.093>
- Zhao, B., Cao, X., Cai, Z., Zhang, L., Li, D., Zhang, H., Li, S., & Sun, X. (2023). Improving suppressive activity of compost on phytopathogenic microbes by inoculation of antagonistic microorganisms for secondary fermentation. *Bioresource Technology*, 367, 128288. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.128288>
- Zhao, G., Zhou, J., Tian, Y., Chen, Q., Mao, D., Zhu, J., & Huang, X. (2023). Remediation of fomesafen contaminated soil by *Bacillus* sp. Za: Degradation pathway, community structure and bioenhanced remediation. *Environmental Pollution*, 336, 122460. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2023.122460>

**Universidad Autónoma Metropolitana**  
**Unidad Iztapalapa**  
**División de Ciencias Biológicas y de la Salud**  
**Posgrado en Biotecnología**

Análisis respirométrico y molecular de composta producida en la Planta de Compostaje de Bordo Poniente de la Ciudad de México para acelerar el proceso de digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos vegetales y subproductos agroindustriales.

Tesis para obtener el grado de

DOCTORA EN BIOTECNOLOGÍA

Presenta

M. en C. Laura Martínez Montiel

Asesores:

Dr. J. Gerardo Saucedo Castañeda (UAM-I)

Dr. Francisco José Fernández Perrino (UAM-I)

Dr. Luis Raúl Tovar (CIEMAD-IPN)

Ciudad de México, 2026



# TABLA DE CONTENIDO

Índice de figuras .....	5
Índice de tablas .....	7
Abreviaturas .....	8
<b>RESUMEN .....</b>	<b>12</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>14</b>
<b>1. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>16</b>
1.1 <i>Residuos sólidos urbanos (RSU)</i> .....	18
1.1.1 Tratamiento de los Residuos Sólidos Urbanos (RSU).....	19
1.2 <i>Residuos sólidos orgánicos (RSO)</i> .....	23
1.3 <i>Degradación microbiana de materia orgánica</i> .....	23
1.3.1 Mineralización de materia orgánica .....	27
1.4 <i>Tecnologías para la degradación de materia orgánica</i> .....	27
1.4.1 Compostaje .....	27
1.4.2 Digestión aerobia.....	30
1.4.3 Microorganismos y enzimas involucradas en el proceso de degradación de materia orgánica.....	32
1.5 <i>Marcadores empleados para la identificación de microorganismos</i> .....	33
1.5.1 Marcadores moleculares para la identificación de bacterias .....	34
1.5.2 Marcadores moleculares para la identificación de hongos .....	35
1.6 <i>Técnicas de biología molecular empleadas en estudios de la degradación microbiana de materia orgánica</i> .....	36
1.6.1 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) .....	38
1.6.2 Nested-PCR.....	39
1.6.3 Electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (DGGE) .....	39
<b>2 ANTECEDENTES DIRECTOS .....</b>	<b>40</b>
<b>3 JUSTIFICACIÓN .....</b>	<b>45</b>
<b>4 HIPÓTESIS.....</b>	<b>45</b>
<b>5 OBJETIVOS .....</b>	<b>45</b>
5.1 <i>Objetivo general</i> .....	45
5.2 <i>Objetivos específicos</i> .....	46
<b>6 DESARROLLO EXPERIMENTAL.....</b>	<b>46</b>
6.1 <i>Análisis de las condiciones climatológicas de la composta de Bordo Poniente</i> .....	46

6.2	<i>Caracterización fisicoquímica de composta de la Planta de Compostaje Bordo Poniente</i>	47
6.2.1	Material biológico	47
6.2.2	Muestreo en campo	47
6.2.3	Análisis respirométrico	48
6.2.4	Análisis fisicoquímico	49
6.3	<i>Análisis molecular de las comunidades microbianas del consorcio microbiano</i>	51
6.3.1	Extracción de ADN	51
6.3.2	Preparación y cuantificación del ADN metagenómico	51
6.3.3	Electroforesis	51
6.3.4	Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)	52
6.3.5	Electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante (DGGE)	53
6.3.6	Purificación de amplicones	54
6.3.7	Secuenciación y análisis bioinformático	54
6.4	<i>Establecimiento de las condiciones de óptimas del proceso de digestión de residuos sólidos orgánicos vegetales (RSOv)</i>	54
6.5	<i>Digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos vegetales</i>	55
6.6	<i>Efecto de la adición de polisacáridos y subproductos agroindustriales como inductores de actividad enzimática utilizando composta como soporte y consorcio microbiano</i>	55
6.6.1	Caracterización de la composta	56
6.6.2	Preparación de los subproductos empleados como inductores de actividades enzimáticas	56
6.6.3	Análisis respirométrico	57
6.6.4	Análisis fisicoquímico	57
6.6.5	Ensayo enzimático	58
6.7	<i>Análisis estadístico</i>	58
<b>7</b>	<b>RESULTADOS Y DISCUSIÓN</b>	<b>59</b>
7.1	<i>Condiciones climatológicas durante el muestreo de composta</i>	59
7.1.1	Conclusiones parciales	61
7.2	<i>Caracterización fisicoquímica de la composta empleada como soporte y fuente de microorganismos</i>	61
7.2.1	Humedad (%)	62
7.2.2	Análisis de pH	62
7.2.3	Relación C/N	63
7.2.4	Azúcares reductores solubles	64
7.2.5	Análisis respirométrico	64
7.2.6	Conclusiones parciales	67
7.3	<i>Análisis molecular de las comunidades microbianas de las muestras de composta</i>	67
7.3.1	Análisis de comunidades bacterianas por PCR-DGGE	67
7.3.2	Análisis de comunidades fúngicas por PCR-DGGE	73
7.3.3	Conclusiones parciales	79
7.4	<i>Determinación de las condiciones óptimas de la digestión aerobia de residuos orgánicos vegetales</i>	79
7.4.1	Conclusiones parciales	83
7.5	<i>Digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos vegetales</i>	83
7.5.1	Conclusiones parciales	86

7.6	<i>Efecto de la adición de polisacáridos y subproductos agroindustriales como inductores de actividad enzimática utilizando composta como soporte y consorcio microbiano .....</i>	86
7.6.1	Caracterización de la composta.....	86
7.6.2	Caracterización de los tratamientos.....	89
7.6.3	Análisis respirométrico.....	93
7.6.4	Modelamiento matemático.....	98
7.6.5	Ensayo enzimático.....	106
7.6.6	Conclusiones parciales .....	111
<b>8</b>	<b>CONCLUSIONES GENERALES.....</b>	<b>112</b>
<b>9</b>	<b>PROSPECTIVAS.....</b>	<b>113</b>
<b>10</b>	<b>REFERENCIAS .....</b>	<b>114</b>

# ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.1</b> Patio de pilas de composta en la planta de compostaje Bordo Poniente. Tomado de <i>Google Earth</i>	17
<b>Figura 1.2</b> Gen 16S rRNA bacteriano. Porcentaje de identidad de la secuencia de las regiones conservadas e hipervariables del gen 16S rRNA. Representación esquemática de la estructura del 16S con las regiones hipervariables marcadas. Modificado de Wensel et al. (2022).	35
<b>Figura 1.3</b> Regiones ITS1 e ITS2. Modificado de Usyk et al. (2017)	36
<b>Figura 6.1</b> Diagrama esquemático del sistema de respirometría. 1: entrada de aire a presión regulada, 2: baño de agua, 3: biorreactores de columna (TBRs), 4: tubo con gel de sílice, 5: muestreador de gases, 6: inyector de gases, 7: cromatógrafo de gases, 8: computadora. Tomado de Saucedo-Castañeda et al., (1994).	49
<b>Figura 7.1</b> Ubicación de la estación meteorológica del Lago Nabor Carrillo. Tomado de <a href="https://pic.conanp.gob.mx/mapa/pic">https://pic.conanp.gob.mx/mapa/pic</a>	59
<b>Figura 7.2</b> Domo de maduración de la composta producida en la PCBP de la Ciudad de México.	60
<b>Figura 7.3</b> Contenido de humedad (%) de las muestras de composta.	62
<b>Figura 7.4</b> Variación del pH en los meses de muestreo de composta en la PCBP.	63
<b>Figura 7.5</b> Relación C/N de las muestras de composta producida por la PCBP analizadas durante los años 2013 y 2014.	64
<b>Figura 7.6</b> Análisis de azúcares reductores en las muestras de composta de la PCBP.	65
<b>Figura 7.7</b> Análisis respirométrico de las muestras de composta de la PCBP.	66
<b>Figura 7.8.</b> Electroforesis en gel de agarosa al 1% de los amplicones obtenidos durante la primera PCR con los iniciadores bacterianos. Línea 1: Marcador de peso molecular de 1 kb. 2: Control negativo (C-). 3: Control positivo (C+) (DNA de <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ).	68
<b>Figura 7.9.</b> Amplicones obtenidos de la amplificación de la región V6-V8 purificados. Electroforesis en gel de agarosa al 1%. Línea 1: Marcador de peso molecular de 1 kb. Línea 16: Marcador de peso molecular para productos de PCR.	68
<b>Figura 7.10.</b> Perfil del DGGE obtenido de los amplicones bacterianos de la región V6-V8 purificados con la técnica de PCR-DGGE. Electroforesis en geles de acrilamida. El gradiente fue de 30-45%. Las muestras fueron obtenidas de la PCBP de la Ciudad de México.	69
<b>Figura 7.11</b> Perfiles de DGGE obtenidos de los amplicones fúngicos de la región ITS1 purificado a partir de la técnica de PCR-DGGE. Electroforesis en gel de acrilamida. El gradiente fue de 30-55 %. Las muestras de composta fueron obtenidas de la PCBP.	74
<b>Figura 7.12</b> Tasa de producción de CO <sub>2</sub> de las mezclas MSC, MSA y MC.	82
<b>Figura 7.13</b> Producción total de CO <sub>2</sub> de las mezclas MSC, MSA y MC.	83
<b>Figura 7.14</b> Tasa de producción de CO <sub>2</sub> de las mezclas MSC, MC y del consorcio microbiano (C).	84
<b>Figura 7.15</b> Producción total de CO <sub>2</sub> de las mezclas MSC, MC y de la composta (C).	85
<b>Figura 7.16</b> Tasa de producción de CO <sub>2</sub> durante la mineralización de los tratamientos con pectina (P) y con pulpa de café (CP). W1: control para el tratamiento P. W2: control para el tratamiento CP.	95
<b>Figura 7.17</b> Producción total de CO <sub>2</sub> del tratamiento de composta adicionada con pulpa de café (CP) y del tratamiento con ácido poligalacturónico (P). W1: control para el tratamiento P. W2: control para el tratamiento CP.	95
<b>Figura 7.18</b> Consumo total de O <sub>2</sub> por los tratamientos P y CP. W1: Control para P. W2: Control para CP.	96

<b>Figura 7.19</b> Producción total de CO <sub>2</sub> de los tratamientos adicionados con subproductos agrícolas (RH, CP, AP, PP y SubAgro100). W2: control para todos los tratamientos-----	97
<b>Figura 7.20</b> Producción total de CO <sub>2</sub> de los tratamientos adicionados con polímeros (CMC, P, S, X y Polisac100). W1: control para todos los tratamientos-----	98
<b>Figura 7.21</b> Ajuste de la producción total del CO <sub>2</sub> de los datos experimentales de los tratamientos P y CP al modelo logístico.-----	101
<b>Figura 7.22</b> Ajuste del consumo total de O <sub>2</sub> de los datos experimentales de los tratamientos P y CP al modelo logístico.-----	102
<b>Figura 7.23</b> Ajuste de los datos experimentales de la producción de CO <sub>2</sub> por los tratamientos P y CP al modelo de Gompertz. -----	102
<b>Figura 7.24</b> Ajuste de los datos experimentales de la producción total de CO <sub>2</sub> de los tratamientos con pulpa de café (CP) y ácido polilacturónico (P) al modelo matemático propuesto. Los rombos vacíos representan los datos obtenidos experimentalmente. Las líneas continuas representan el ajuste de los datos al modelo propuesto en este estudio. -----	104
<b>Figura 7.25</b> Modelamiento del consumo de O <sub>2</sub> de los tratamientos P y CP al modelo propuesto. Los rombos vacíos representan los datos obtenidos experimentalmente. Las líneas continuas representan el ajuste de los datos al modelo propuesto en este estudio. -----	105
<b>Figura 7.26</b> Perfil de actividad enzimática pectinasa para los tratamientos de composta adicionada con ácido polilacturónico (P) y con pulpa de café (CP). W1 control para P. W2: Control para CP. -	107

# ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 6.1</b> Claves de identificación de las muestras obtenidas de la Planta de Compostaje Bordo Poniente. -----	47
<b>Tabla 6.2</b> Nivel de adición de polisacáridos y subproductos usados para la inducción de enzimas hidrolíticas. -----	57
<b>Tabla 7.1</b> Códigos de identificación y condiciones meteorológicas durante el muestreo en la PCPB en la Ciudad de México.-----	60
<b>Tabla 7.2</b> Análisis fisicoquímico de las muestras de composta de la PCBP.-----	61
<b>Tabla 7.3</b> Parámetros establecidos por la NADF-020-AMBT-2011 para composta. -----	67
<b>Tabla 7.4</b> Bacterias identificadas de la PCBP. -----	70
<b>Tabla 7.5</b> Principales características de las bacterias identificadas en la PCBP. -----	72
<b>Tabla 7.5</b> Principales características de las bacterias identificadas en la PCBP ( <b>continuación</b> ).-----	72
<b>Tabla 7.6</b> Hongos identificados en cada una de las muestras obtenidas de la PCBP-----	76
<b>Tabla 7.7</b> Principales características de los hongos identificados en la PCBP en este estudio. -----	77
<b>Tabla 7.7</b> Principales características de los hongos identificados en la PCBP en este estudio (continuación). -----	77
<b>Tabla 7.8</b> Composición y relación C/N inicial de las mezclas de RSO.-----	80
<b>Tabla 7.9</b> Condiciones iniciales y finales de la digestión de RSO de mezclas con diferentes relaciones C/N iniciales. -----	81
<b>Tabla 7.10</b> Análisis de subproductos agroindustriales antes y después del tratamiento térmico-----	90
<b>Tabla 7.11</b> Resultados pH, humedad (%), carbón total, nitrógeno total y relación C/N de las muestras a diferentes tiempos del ensayo de composta adicionada con polisacáridos como inductores de actividades enzimáticas. -----	91
<b>Tabla 7.12</b> Resultados pH, humedad (%), carbón total, nitrógeno total y relación C/N de las muestras a diferentes tiempos del ensayo de composta adicionada con subproductos agroindustriales como inductores de actividades enzimáticas. -----	92
<b>Tabla 7.13</b> Valores experimentales y parámetros cinéticos de la producción y consumo de CO <sub>2</sub> y O <sub>2</sub> --	108
<b>Tabla 7.14</b> Actividades enzimáticas obtenidas de los diferentes tratamientos de composta adicionados con polisacáridos medidos a diferentes tiempos de proceso.-----	109
<b>Tabla 7.15.</b> Actividades enzimáticas obtenidas de los diferentes tratamientos de composta adicionados con subproductos agroindustriales medidos a diferentes tiempos de proceso. -----	110

## ABREVIATURAS

16S rDNA	Gen ribosomal de procariotas
1X	Concentración final del stock
$A_{260}/A_{280}$	Relación de absorbancias
ADN	Ácido desoxirribonucleico
AP	Cáscara de manzana
AR	Azúcares reductores solubles
AT	Antes del tratamiento térmico
<i>b</i>	Concentración mínima de CO <sub>2</sub> asintótica (mg O <sub>2</sub> (mg CO <sub>2</sub> h) <sup>-1</sup> )
BLAST	Basic local alignment search tool
C	Carbono
C/N	Relación carbono a nitrógeno
CEC	Conductividad eléctrica
CHN	Análisis elemental de carbono, hidrógeno y nitrógeno
CMC	Carboximetilcelulosa
CO <sub>2</sub>	Dióxido de carbono
CR	Coficiente respiratorio (mmol/mmol)
CT	Carbono total
DGGE	Electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante
DNS	Ácido dinitrosalicílico
dNTP	Dinucleótido
DT	Después del tratamiento térmico
FORSU	Fracción orgánica de residuos sólidos urbanos
g	Gramo
GC	Relación Guanina/Citosina
GEI	Gases efecto invernadero
h	Hora
ha	Hectárea
in	pulgada
ITS	Internal transcribed spacer
<i>k</i>	Constante de mineralización de CO <sub>2</sub> de 1er orden (h <sup>-1</sup> )
kb	Kilobases
lb	Libras
<i>m</i>	Coficiente de mantenimiento (g S g <sup>-1</sup> X h <sup>-1</sup> )
MC	Mezcla de RSO con 8% de composta y C/N de 30
min	Minutos
mL	Mililitro

mM	Milimolar
MS	Materia seca
MSA	Mezcla de RSO con 8% de composta y C/N de 20
MSC	Mezcla de RSO sin composta y C/N de 30
MSI	Materia seca inicial
N	Nitrógeno
Nested-PCR	Reacción en cadena de la polimerasa anidada
ng	Nanogramo
nm	Nanómetro
NT	Nitrógeno total
O <sub>2</sub>	Oxígeno
°C	Grados centígrados
OTU	Unidad taxonómica operacional
P	Ácido poligacturónico
pb	Pares de bases
PCBP	Planta de compostaje Bordo Poniente
PCR	Reacción en cadena de la polimerasa
pM	Picomolar
Polisac100	Mezcla de composta con polisacáridos
PP	Cáscara de papa
RH	Cascarilla de arroz
rpm	Revoluciones por minuto
RSO	Residuos sólidos orgánicos
RSOv	Residuos sólidos orgánicos vegetales
RSU	Residuos sólidos urbanos
S	O <sub>2</sub> total consumido (mg g <sup>-1</sup> MSI)
s	Segundo
S	Almidón
S <sub>0</sub>	O <sub>2</sub> consumido inicial (mg g <sup>-1</sup> MSI)
SSC	Cultivo en medio sólido
SubAgro100	Mezcla de composta con subproductos agrícolas
t	Tiempo (h)
TAE	Tris-acetato-EDTA
TBR	Biorreactores de columna
TBRs	Bioreactores tubulares
TMCC	Test method for the examination of composting and compost
U	Unidad enzimática
U	Unidad de actividad enzimática



UFC	Unidades formadoras de colonias
V	Volts
V	Volt
W1	Control experimental para polisacáridos
W2	Control experimental para subproductos
X	CO <sub>2</sub> total producido (mg g <sup>-1</sup> MSI)
X	Xilano de abedul
X <sub>0</sub>	CO <sub>2</sub> al inicio del proceso (mg g <sup>-1</sup> MSI)
Y <sub>x/s</sub>	Rendimiento CO <sub>2</sub> /O <sub>2</sub> (mmol/mmol)
μL	Microlitro

Esta investigación se realizó en la Planta Piloto 4 de Fermentaciones en medio sólido, en el Laboratorio Divisional de Biología Molecular de la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa y en el Centro de Investigaciones y Estudios Sobre Medio Ambiente y Desarrollo del Instituto Politécnico Nacional.

## RESUMEN

Cada año, a nivel mundial se producen 2 mil millones de toneladas de residuos sólidos urbanos (RSU) (Longchamps et al., 2025). En la Ciudad de México, en el año 2013, se generaron 12 204 toneladas (t) de residuos sólidos urbanos (RSU), incrementándose a 12 893 t en 2014 y 12 816 t en el año 2015. Durante el 2024 se produjeron diariamente 12 454 t de RSU, resultado de una generación aproximada de  $1.071 \text{ kg día}^{-1} \text{ habitante}^{-1}$ . En el 2024, se recibieron diariamente aproximadamente 1 374 t de materia orgánica en la planta de compostaje Bordo Poniente (PCBP) para su transformación en composta; esta instalación es la planta de compostaje más grande de América Latina en su tipo, la más grande de México y una de las más grandes del mundo.

A lo largo de los años 2013, 2014 y 2015, se recolectaron un total de 15 muestras de composta de la PCBP. Las muestras se analizaron para determinar su contenido de humedad, pH, cantidad de azúcares reductores, relación C/N y tasa máxima de producción de  $\text{CO}_2$  dando como resultado que todas las muestras obtenidas cumplieron con las características indispensables para considerarse como composta madura y estable de acuerdo con la normatividad vigente de la Ciudad de México y de estándares internacionales como lo establecido por el *US Composting Council*.

Las 15 muestras, fueron analizadas empleando el método de reacción en cadena de la polimerasa-electroforesis en gel con gradiente desnaturante (PCR-DGGE) para identificar las comunidades bacterianas y fúngicas presentes en todas las muestras. El análisis descriptivo reveló la presencia de siete bacterias y tres hongos que estuvieron presentes en todas las muestras de composta. Algunos de los microorganismos detectados tienen potencial para aplicaciones biotecnológicas en diferentes sectores industriales.

Por otra parte, se diseñó una mezcla de residuos orgánicos (composta madura, residuos de poda, papel, aserrín y residuos sólidos orgánicos vegetales) con una relación C/N de 30 y con el 8% de composta madura que se utilizó como consorcio microbiano, para establecer las condiciones de proceso para la digestión de materia orgánica vegetal. Se analizó la producción de enzimas en cultivo en medio sólido utilizando como inductores polisacáridos (carboximetilcelulosa, xilano de abedul y almidón soluble) y subproductos agroindustriales (cáscara de manzana, cáscara de papa, pulpa de café y cascarilla de arroz) con un tratamiento térmico, mezclados con composta. La

evolución del CO<sub>2</sub> y O<sub>2</sub> fueron medidos por respirometría. La mayor tasa de producción de dióxido de carbono (1.74 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI h<sup>-1</sup>) fue encontrada a las 4 h en el cultivo con la mezcla de los subproductos agroindustriales. La mayor producción de enzimas se obtuvo en los tratamientos con carboximetilcelulosa, almidón y xilano, con excepción del tratamiento con pulpa de café en donde se encontró actividad pectinolítica 1.4 veces mayor que con ácido poligalacturónico. La tasa de producción de CO<sub>2</sub> fue en general, mayor en todos los tratamientos con polisacáridos. Se produjeron entre 15.92 y 33.32 mg de CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI a las 48 h de proceso utilizando polisacáridos y entre 24.12 y 40.35 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI empleando subproductos agroindustriales, siendo la producción total de CO<sub>2</sub> en estos tratamientos en promedio 1.5 veces mayor que los tratamientos con polisacáridos. Se propuso un modelo matemático para describir los resultados experimentales basado en un modelo de decaimiento de primer orden y el modelo clásico de Pirt. Los resultados obtenidos sugieren que los subproductos agroindustriales mezclados con composta madura como consorcio microbiano tienen potencial para emplearse en la producción de enzimas específicas por cultivo en medio sólido.

Las perspectivas a futuro incluyen explorar el uso de consorcios microbianos específicos como inóculos en el proceso de compostaje, realizar análisis metagenómicos ampliados para detectar comunidades microbianas específicas. Esto permitirá evaluar el potencial de los microorganismos identificados para el diseño de bioinsumos como biofertilizantes y agentes de biocontrol, al tiempo que se puede investigar la adaptación de estas comunidades a perturbaciones ambientales o cambios en la composición de los residuos. Además, se propone el estudio del impacto de diferentes agentes de volumen sobre la cinética de materialización de materia orgánica, complementando con análisis de compuestos volátiles y otros metabolitos secundarios.

## ABSTRACT

Every year, globally, 2 billion metric tons of municipal solid waste (MSW) are produced. In Mexico City (Longchamps et al., 2025) . In Mexico City, in 2013, 12204 metric tons (t) of MSW are generated, increasing to 12893 t in 2014 and 12,186 t in 2015. During 2024, 12 454 t of MSW were produced daily, corresponding to an approximate generation rate of  $1.7 \text{ kg day}^{-1}$  inhabitant<sup>-1</sup>. In 2024, approximately 1 374 t of organic matter were received daily at the Bordo Poniente composting plant (BPCP) for transformation into compost; this plant is the largest composting plant of its kind in Latin America, the largest in Mexico, and one of the largest in the world.

Throughout the years 2013, 2014 and 2015, a total of 15 compost samples from the BPCP were collected. The samples were analyzed to determine moisture content, pH, reducing sugars, C/N ratio and maximum CO<sub>2</sub> production rate, revealing that all collected samples met the indispensable characteristics to be considered mature and stable compost according to the current regulations of Mexico City and international standards such as those set by the Composting Council.

The 15 samples were analyzed using the polymerase chain reaction-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) method to identify the bacterial and fungal communities present in all samples. Descriptive analysis revealed the presence of seven bacteria and three fungi that were present in all compost samples. Some of the detected microorganisms have potential for biotechnological applications in different industrial sectors.

On the other hand, a mixture of organic waste (mature compost, pruning waste, paper, sawdust and vegetal organic solid waste) was designed with a C/N ratio of 30 and with 8% mature compost used as a microbial consortium, to establish the processing conditions for the digestion of vegetal organic matter. Enzyme production in solid-media culture was analyzed using polysaccharides (carboxymethylcellulose, xylan and soluble starch) and agro-industrial by-products (apple peels, potato peels, coffee Pulp and rice husk) as inducers with a thermal treatment, mixed with compost. The evolution of CO<sub>2</sub> and O<sub>2</sub> was measured by respirometry. The highest CO<sub>2</sub> production rate ( $1.74 \text{ mg CO}_2 \text{ g}^{-1} \text{ IDM h}^{-1}$ ) was found at 4 h in the culture with the mixture of agro-industrial by-products. The highest enzyme production was obtained in the treatments with

carboxymethylcellulose, starch and xylan with the exception of the coffee pulp treatment, in which pectinolytic activity was 1.4 times higher than polygalacturonic acid. The CO<sub>2</sub> production rate was generally higher in all treatments with polysaccharides. Produced were between 15.92 and 33.32 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> IDM at 48 h of processing using polysaccharides and between 24.12 and 40.35 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> IDM employing agro-industrial by-products, with the total CO<sub>2</sub> production in these treatments on average 1.5 times greater than in the polysaccharide treatments. A mathematical model was proposed to describe the experimental results based on a first-order decay model and the classic Pirt model. The results suggest that agro-industrial by-products mixed with mature compost as a microbial consortium have potential for use in the production of specific enzymes per culture in solid medium.

Future perspectives encompass investigating the application of specific microbial consortia as inoculants in the composting process, coupled with expanded metagenomic analyses to detect targeted microbial communities. This approach will enable the evaluation of identified microorganisms potential for developing biofertilizers and biocontrol agents, while exploring the adaptation of these communities to environmental perturbations or alterations in waste composition. Furthermore, we propose examining the influence of diverse bulking agents on the kinetics of organic matter mineralization, supplemented by analyses of volatile compounds and other secondary metabolites.

# 1. INTRODUCCIÓN

En los últimos años, la generación de los residuos sólidos urbanos (RSU) se ha incrementado paralelamente al crecimiento de las ciudades y a la tendencia de la concentración de la población en los centros urbanos, así como la adopción de un estilo de vida semejante al modelo de las sociedades industriales. Se estima que cada año, se producen en el mundo, cerca de 2 mil millones de RSU (Longchamps et al., 2025). De acuerdo con la Ley general para la prevención y gestión integral de los residuos (DOF, , los residuos sólidos urbanos, son todos aquellos generados en actividades municipales que no requieran técnicas especiales para su control. Según la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT, 2024), el creciente volumen de residuos sólidos generados en México conduce a problemáticas como la dificultad para su recolección y al agotamiento de los rellenos sanitarios. Este incremento está relacionado con el crecimiento demográfico del país, siendo uno de los más altos de América Latina y cerca del de los países europeos.

En la Ciudad de México, la cantidad de residuos generados debido a las actividades antropogénicas ha mostrado un incremento en los últimos años asociado al incremento en la población. De acuerdo con datos del Inventario de residuos sólidos de la Ciudad de México publicado por la Secretaría del Medio Ambiente, en 2013, se produjeron 12 204 t de RSU, incrementándose a 12 893 t en 2014 y 12816 t en el 2015. Durante el 2023 se produjeron diariamente 13 149 t de RSU debido a una generación aproximada de  $1.071 \text{ kg día}^{-1} \text{ habitante}^{-1}$ . Aproximadamente el 48 % de estos residuos son de origen domiciliario, el 30 % provienen de oficinas, el 10 % de supermercados, el 5 % de la Central de Abasto, el 4 % de diversas fuentes, el 3 % de origen controlado como prisiones, oficinas de gobierno y unidades médicas (SEDEMA, 2023). Del total de los RSU, la Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT), estima que cerca del 38 % son residuos sólidos orgánicos (RSO), que corresponde aproximadamente a 4 676.3 t, mismas que son clasificados en dos grandes grupos: residuos de poda y jardinería y residuos de alimentos (SEMARNAT, 2021). De acuerdo con datos del Inventario de residuos sólidos, la Planta de Compostaje de Bordo Poniente (PCBP), recibió durante los años 2012, 2013 y 2014 un estimado diario de 2 322, 1 942 y 1 690 toneladas, respectivamente, disminuyendo en 2023 a 928 t de fracción orgánica de residuos sólidos urbanos (FORSU) para transformarlas en composta.



La PCBP inició sus operaciones en 2012 (CIEMAD, 2016) y es considerada la planta de composta más grande de México y una de las más grandes de América Latina teniendo una superficie de 37 hectáreas, una capacidad instalada de 912,500 t año<sup>-1</sup> (CIEMAD, 2016) y una capacidad de producción de composta de 32 120 t año<sup>-1</sup>; cuenta con aproximadamente 1 000 pilas de composteo, cada una con una longitud cercana a 200 m y 3 m de altura **Figura 1.1** (SEDEMA, 2023).



**Figura 1.1** Patio de pilas de composta en la planta de compostaje Bordo Poniente. Tomado de *Google Earth*

En 2023, esta planta de compostaje recibió aproximadamente 338 876 t de residuos que fueron transformados en 23 357 t de composta, recibiendo diariamente 1 374 t de RSO para su transformación en composta (SEDEMA, 2023).

A partir de 2013, en la Ciudad de México, se estableció un programa en el que los RSU se comenzaron a recolectar separados desde su fuente de generación resultando que los residuos sólidos orgánicos e inorgánicos domiciliarios se recolecten a partir desde ese momento de manera diferenciada 2 o 3 veces por semana; después de la recolección, los residuos orgánicos son pesados y transportados directamente a la PCBP. En la planta, estos residuos son colocados en pilas a cielo abierto lo que asegura que se lleve a cabo un proceso de compostaje aerobio. El personal de la

planta, monitorea la temperatura y la humedad para asegurarse que el proceso alcance la fase termófila (60-70 °C). La humedad de las pilas se mantiene mediante la recirculación de los lixiviados provenientes de las pilas de residuos que se han procesado anteriormente. Las pilas son volteadas periódicamente para prevenir zonas de ignición y mantener la homogeneidad. Una vez que el proceso es completado, la composta es cribada para remover residuos inorgánicos como vidrio o plástico para ser transportada a los domos de maduración (GDF, 2013).

Para reducir el impacto de los residuos orgánicos, se han empleado tecnologías de recuperación de energía de los residuos; estos procesos pueden llevarse a cabo por combustión directa, por ejemplo: incineración, gasificación y pirolisis o por producción de combustibles en forma de metano, hidrógeno y otros sintéticos empleando procesos como la degradación anaerobia y el tratamiento mecánico-biológico (Cheng & Hu, 2010; Jindo et al., 2025) de éstos, existen aquellos que promueven la degradación de materia orgánica de manera eficiente.

## **1.1 Residuos sólidos urbanos (RSU)**

El término residuos sólidos urbanos, es empleado para definir al conjunto de residuos heterogéneos producidos en áreas urbanas. Las características y cantidad de residuos sólidos generados en una región son función del nivel de vida de los habitantes y de la abundancia y tipo de fuentes naturales. Los residuos se pueden dividir en 2 grupos: orgánicos e inorgánicos. Los componentes orgánicos de los residuos sólidos urbanos pueden clasificarse en tres categorías: putrescibles, fermentables y no fermentables (Diaz et al., 2005). Una conceptualización simple de los residuos orgánicos es que provienen de la preparación y consumo de alimentos, así como de residuos de tala y poda.

Los RSU son materiales que son desechados de las áreas urbanas incluyendo residuos domésticos y residuos comerciales que contienen metales, textiles, una fracción de papel, residuos de alimentos, cuero, algodón y residuos de poda (Cheng & Hu, 2010; Longchamps et al., 2025). De acuerdo con la Agencia de Protección Ambiental de los Estados Unidos de América (EPA), los RSU son considerados como una fuente de energía renovable solamente en la medida de que la

energía proveniente de estos residuos sea biogénica, es decir, que sean un producto proveniente de procesos biológicos (United States Environmental Protection Agency, 2006).

### **1.1.1 Tratamiento de los Residuos Sólidos Urbanos (RSU)**

Uno de los problemas ambientales causados por el mal tratamiento de la fracción orgánica de los residuos sólidos urbanos (FORSU), sucede cuando la materia orgánica se descompone y se desprenden gases de efecto invernadero (GEI) como el metano ( $\text{CH}_4$ ), el óxido nitroso ( $\text{N}_2\text{O}$ ) y el dióxido de carbono ( $\text{CO}_2$ ) (Sardarmehni et al., 2021). La producción de estos gases es considerada como una de las principales causas del cambio climático; tan solo, como consecuencia de la urbanización y la expansión de la población mundial, en 2016 se generaron 2010 millones de toneladas métricas de RSU a nivel mundial y se prevé que esta cantidad alcance los 2590 millones de toneladas métricas en 2030 (Cao et al., 2023). Durante la degradación de la materia orgánica, el  $\text{CO}_2$  es liberado en gran medida por la descomposición microbiana de la materia orgánica del suelo, es el gas que más contribuye al efecto invernadero (Janzen, 2004). El  $\text{CH}_4$  es el segundo gas que contribuye al efecto invernadero afectando la capa de ozono en la atmósfera. Se origina en el proceso digestivo de los animales, en la descomposición anaerobia del estiércol animal y en la descomposición anaerobia de productos de desecho y procesamiento animal, el  $\text{N}_2\text{O}$  es generado por la transformación microbiana de nitrógeno (desnitrificación) en los suelos y abonos a base de nitrógeno, especialmente en condiciones húmedas. Este gas al igual que el  $\text{CH}_4$  y el  $\text{CO}_2$ , absorbe calor al tratar de escapar al espacio, contribuyendo en gran forma al calentamiento global (Smith et al., 2004), formando una capa aislante alrededor del planeta.

Los lixiviados son el resultado de la percolación de líquidos a través de los residuos orgánicos en proceso de estabilización, son líquidos que brotan a la superficie o se infiltran hacia el terreno donde se encuentra instalado un relleno sanitario o un vertedero. Una de sus principales fuentes es el agua de lluvia depositada sobre el área de influencia, o el agua metabólica producida durante la descomposición y de la humedad de los desechos que drenan y percolan a través de los intersticios y capas de basura, originando a su paso toda serie de reacciones y procesos fisicoquímicos y biológicos dañando al ambiente y mantos freáticos cercanos, además de provocar la pérdida de nutrientes durante todo el proceso de compostaje (Iván et al., 2009; Sardarmehni et al., 2021). Otro de los problemas ambientales y de salud que causa el mal tratamiento de residuos orgánicos es la

propagación de fauna nociva cerca de los sitios donde se depositan estos residuos ya que sirven como alimento de roedores, caninos en estado semisalvaje, animales ponzoñosos, artrópodos, insectos y helmintos que son vectores de enfermedades humanas. Por otro lado, en estos sitios proliferan microorganismos patógenos debido a la gran cantidad de metabolitos liberados como resultado de los procesos de descomposición de la materia orgánica por otros microorganismos (Diaz et al., 2005). Debido a los problemas ambientales y de salud que causa la acumulación de este tipo de residuos y a la falta de espacios en dónde depositarlos, se han tenido que emplear nuevas tecnologías para darles un tratamiento seguro. Actualmente, la regulación ambiental, ha estimulado el desarrollo de procesos de biodegradación para transformar la FORSU en fuentes valiosas de energía por sistemas biológicos, debido a que solamente pocas cepas son capaces de excretar complejos enzimáticos, los cuales tienen una aplicación práctica y muy importante en la hidrólisis de los polímeros que se encuentran en los RSU (Gautam et al., 2011). Dentro de estas tecnologías, los procesos biológicos aerobios son realizados por diversos grupos de microorganismos que en presencia de oxígeno degradan la materia orgánica transformándola en productos finales inocuos.

En los tratamientos biológicos existen métodos biotecnológicos para la producción de composta como la digestión aerobia que es definida como: un proceso mediante el cual, una serie de microorganismos van degradando la materia orgánica en presencia de oxígeno (Longchamps et al., 2025). Otra definición fue propuesta por Shammas & Wang (2007) y hace referencia a que la degradación aerobia es la estabilización bioquímica oxidativa de lodos provenientes de plantas de tratamiento de agua en tanques cerrados o abiertos que son separados desde el sistema líquido del proceso. Una definición más de la degradación aerobia hace referencia a la reducción, la minimización y la degradación de la materia orgánica mediante la presencia de microorganismos que requieren oxígeno molecular libre para subsistir; esta definición se encuentra descrita en la Norma Mexicana NMX-AA-180-SCFI-2018 que establece los métodos y procedimientos para el tratamiento aerobio de la fracción orgánica de los residuos sólidos urbanos y los de manejo especial, así como la información comercial y de sus parámetros de calidad de los productos. Este método reduce significativamente el peso y volumen de la materia orgánica, principalmente por el alto contenido de agua, y puede derivar en productos como abonos, compostas, fertilizantes foliares, entre otros, que enriquecen y alimentan suelos degradados o erosionados, y representan

una opción útil en la conservación de áreas verdes públicas y privadas, bosques y áreas de conservación y actividades de jardinería y agricultura. Esta biotecnología de orientación ambiental tiene como objetivo la reducción de la materia orgánica mediante un proceso de compostaje. Las biotecnologías tanto aerobia como anaerobia, han sido alternativas sostenibles a las actuales estrategias de disposición, ya que la materia orgánica es estabilizada y su volumen es reducido (Yangin Gomec et al., 2011).

En años pasados, los residuos de alimentos eran colectados junto con los demás RSU y enviados a rellenos sanitarios o a incineradores para su disposición final. Debido a que muchos rellenos sanitarios han llegado a su capacidad máxima y por lo tanto han sido cerrados, la disposición de residuos ha comenzado a ser un serio problema en muchas ciudades (Chang & Hsu, 2008). Existen preocupaciones ambientales derivadas durante el proceso de compostaje, incluyendo la formación de gases malolientes o tóxicos, bioaerosoles, generación de lixiviados y polvo, además de posible exposición a metales pesados, contaminantes orgánicos y agentes patógenos en el caso de la aplicación de composta al suelo, lo que resulta en riesgos de salud ocupacional o molestias a los residentes cercanos a las plantas de compostaje (Wei et al., 2017).

Autores como Dinel et al., 2001; Lemus & Lau, 2002 y Nakasaki et al., 2004, han realizado estudios empleando residuos de alimentos sintéticos con una composición homogénea, así como residuos provenientes de restaurantes o comedores con un rango limitado en cuanto a componentes para saber cómo la composición de los residuos de alimentos varía significativamente de un lugar a otro y es altamente dependiente de los hábitos alimenticios. Sin embargo, la información basada en un rango limitado de composición es inadecuada para el diseño ingenieril y el proceso de optimización. Para optimizar los procesos de degradación de RSO, los residuos deben ser caracterizados de acuerdo con el contenido de humedad, pH y la relación C/N. La relación C/N y el contenido de humedad de los agentes de volumen dependen del material empleado, como agente de volumen, por ejemplo, el aserrín generalmente ofrece una relación C/N alta (entre 200:1 y 500:1), en comparación con la paja (70:1) que ofrece una fuente de carbón más fácilmente biodegradable (Adhikari et al., 2008).

Adhikari et al. (2008) monitorearon la cantidad de RSO generada en Montreal, en tres meses del año para poder caracterizar los agentes de volumen disponibles para ser empleados en procesos de compostaje. Como resultados obtuvieron que, dependiendo del mes del año, a pesar de que el estudio se llevó a cabo en meses contiguos y se obtuvieron los residuos de los mismos sitios, la composición varió estacionalmente por lo que es necesario realizar ajustes de la relación C/N, contenido de humedad y pH inicial principalmente para tener un proceso semiestandarizado. De igual manera, determinaron que cuando se obtienen RSO con alto contenido de humedad, es necesario aumentar la proporción de agentes de volumen que puedan absorber el agua producida durante los procesos de degradación, encontrando que la paja de trigo cortada es el agente más adecuado para utilizarse en el proceso de compostaje de RSO compuestos principalmente por restos de alimentos, ya que mostraron una excelente capacidad de retención de agua, pH neutral, una buena relación C/N y la capacidad de mantener el espacio de aire libre en un valor de 30 %.

Se da atención especial a los residuos sólidos orgánicos, ya que, en la mayoría de los países desarrollados, estos residuos constituyen al menos el 50 % (en peso) de los RSU. Los aspectos y fines más relevantes de su recuperación son los siguientes:

- Los componentes pueden ser usados en la agricultura como un suelo mejorado a través del compostaje.
- Su energía contenida puede ser recuperada tanto biológicamente como térmicamente. La energía biológica es recuperada mediante producción de metano o bioetanol usando una degradación anaerobia. La recuperación térmica es a través de la combustión para producir calor.
- El contenido orgánico puede ser hidrolizado enzimática o químicamente para producir azúcar. Estos azúcares pueden ser utilizados como sustratos para la producción de etanol o para la producción de proteína unicelular.

## 1.2 Residuos sólidos orgánicos (RSO)

Los residuos sólidos orgánicos se refieren a la fracción orgánica biodegradable de los residuos sólidos que provienen de organismos vivos como plantas y animales (Zhou et al., 2025), en cuanto a los residuos sólidos orgánicos vegetales (RSOv), se hace referencia a los que se originaron exclusivamente a partir de plantas.

Debido a que los RSOv tienen un elevado contenido de celulosa, permiten el crecimiento de microorganismos y son un sustrato ideal para el compostaje. Esta fracción está compuesta aproximadamente por 40-50 % de celulosa, 9-12 % de hemicelulosa y de 10-15 % de lignina en base húmeda (Gautam et al., 2011). La celulosa es un complejo polimérico con una estructura lineal de residuos de glucosa unidos con enlaces  $\beta$ -1,4 de los cuales, las cadenas grandes se encuentran unidos por hemicelulosa (Scheller & Ulvskov, 2010). La degradación de celulosa requiere tres tipos de enzimas: las  $\beta$ -1,4-endoglucanasas, las exoglucanasas o celobiohidrolasas y las  $\beta$ -glucosidasas. La hemicelulosa es clasificada de acuerdo con los azúcares que se encuentren en su estructura polimérica principal, como xilano, manano o xiloglucano. La estructura principal de las hemicelulosas tiene ramificaciones compuestas por monómeros como galactosa, xilosa, arabinosa y ácido galacturónico, además de que la composición exacta de la hemicelulosa es dependiente del tejido y de la especie de la planta (Scheller & Ulvskov, 2010). La pectina es otro polisacárido presente en la biomasa vegetal, pero en menor cantidad que la celulosa y la hemicelulosa. La estructura principal de la pectina consiste principalmente en residuos de ácido galacturónico unidos por enlaces  $\alpha$ -1,4, los cuales pueden estar metilesterificados o sustituidos con grupos acetilo. Las pectinas son clasificadas en tres grupos generales: homogalacturonanas, xilogalacturonanas y ramnogalacturonanas las cuales son hidrolizadas por enzimas del grupo de las glicosilhidrolasas y las polisacariliasas (Van Den Brink & De Vries, 2011).

## 1.3 Degradación microbiana de materia orgánica

La materia orgánica vegetal está compuesta principalmente por polisacáridos como celulosa, hemicelulosa, pectina, almidón y lignina. La degradación de estos polisacáridos depende de las actividades simultáneas o secuenciales de enzimas hidrolíticas producidas por una comunidad diversa de bacterias y hongos. En otras palabras, la degradación de los biopolisacáridos



presentes en la materia orgánica depende de una cascada de enzimas secretadas en cantidades suficientes para generar pentosas, hexosas, fenoles y aminoácidos entre otros compuestos, para ser utilizados como nutrientes (Burns, 2013) Enzimas específicas de importancia en la microbiología del suelo incluyen celulasas que degradan polímeros de celulosa en componentes más pequeños, nitrogenasas que convierten el gas dinitrogenado en amoníaco biológicamente disponible, sulfatasas que liberan proteínas y algunos compuestos orgánicos y fosfatasas que remueven los grupos fosfato de compuestos orgánicos. Las enzimas que catalizan las reacciones de polímeros grandes son extracelulares debido a que los polímeros grandes no pueden ser transportados a través de las membranas celulares. Una vez que los polímeros son convertidos en unidades más pequeñas, el catabolismo subsecuente se lleva a cabo intracelularmente (Tiquia et al., 2002).

Dentro de los complejos enzimáticos y enzimas extracelulares que degradan la materia orgánica, las celulasas, pectinasas, xilanasas y amilasas han recibido atención particular a nivel industrial, sobre todo las que son producidas por microorganismos que son capaces de excretarlas al medio (Dhillon et al., 2012). Generalmente, las enzimas hidrolíticas como celulasas, xilanasas y pectinasas son producidas por hongos, ya que estas enzimas son usadas para su crecimiento (A. Pandey et al., 1999). Se han llevado a cabo estudios para producir enzimas empleando polisacáridos puros como xilano para producir xilanasas o celulasas de *Streptomyces* spp. (Mackenzie et al., 1987), almidón soluble para producir amilasas con microorganismos aislados de composta (Pascon et al., 2011) o carboximetilcelulosa (CMC) para producir celulasas (Goldbeck et al., 2013).

Tiquia et al. (2001) hicieron un estudio que tuvo como objetivo determinar perfiles enzimáticos extracelulares en diferentes estados del compostaje para relacionar los cambios en esas actividades enzimáticas con la variación de las poblaciones microbianas de aerobios heterótrofos, actinomicetos y hongos en dos compostas diferentes haciendo un análisis multivariado de los principales componentes (PCA). En su estudio evaluaron 19 actividades enzimáticas a partir de muestras de composta de estiércol de cerdo y de estiércol de aves de corral empleando el kit API ZYM™, el cual es un microensayo semicuantitativo que contiene sustratos específicos de diferentes enzimas unidos a una sustancia cromogénica. Las enzimas incluían tres fosfatasas (fosfatasa alcalina, fosfatasa ácida y fosfohidrolasa), tres esterases (lipasa, esterasa-lipasa y

esterasa), tres aminopeptidasas (leucina aminopeptidasa, valina aminopeptidasa y cistina aminopeptidasa), dos proteasas (quimotripsina y tripsina) y ocho glicosil-hidrolasas ( $\beta$ -galactosidasa,  $\beta$ -glucosidasa, N-acetyl- $\beta$ -glucosaminidasa,  $\alpha$ -glucosidasa,  $\beta$ -glucuronidasa,  $\alpha$ -galactosidasa,  $\alpha$ -manosidasa y  $\alpha$ -fucosidasa. En sus resultados obtuvieron que cada actividad enzimática mostró un perfil diferente en cada estado de la composta.

Fernández-Polanco et al. (2011), mencionan que dejando de lado los sistemas cuyo objetivo es separar la materia inerte y los sólidos indeseables, la atención se debe centrar en los procesos cuya finalidad sea incrementar la biodegradabilidad y la producción de biogás, y disminuir la masa de los residuos orgánicos digeridos. Estos autores mencionan que los principales tratamientos usados son: el térmico, el enzimático, la hidrólisis térmica y la degradación aerobia de la cual reportaron que para el tratamiento de un lodo biológico utilizando un proceso anaerobio termófilo, aumentaron la solubilización en un 40 %, con un incremento de biogás del 50 % y sin la producción de ácidos grasos volátiles.

Fricke et al. (2005) estudiaron las tasas de eficiencia y datos de procesos anaerobios y aerobios para el tratamiento de residuos sólidos municipales y aguas residuales. Los datos que se analizaron fueron exclusivos del tratamiento mecánico-biológico. Consideraron las condiciones de inicio de operación del tratamiento, la eficiencia de descomposición y estabilización, emisiones de aire y agua, así como los balances de energía. Estos autores mencionan que, en comparación con el proceso aerobio, la degradación anaerobia puede ser ecológicamente desventajosa con respecto a las emisiones de gases y al balance energético, por lo tanto, la confiabilidad operativa de los procesos anaerobios es inferior. Así mismo, mencionan que la estabilidad biológica de los residuos tratados para obtener bajas emisiones de gases no puede ser alcanzada solamente por una degradación anaerobia, pero sí con su combinación con un proceso aerobio postratamiento.

Mahar et al. (2009) llevaron a cabo un estudio en el que analizaron el pretratamiento biológico de RSU antes de ser llevados al sitio de disposición final. Analizaron 4 métodos de pretratamiento en un reactor a nivel laboratorio bajo las siguientes condiciones: 1) aireación forzada y recirculación de lixiviados, 2) pretratamiento aerobio con convección natural de aire simulada y recirculación de lixiviados, 3) pretratamiento aerobio con convección natural de aire simulada y 4) un simulador

anaerobio. Se monitorearon la materia orgánica, pH, temperatura, demanda bioquímica de oxígeno (DBO), demanda química de oxígeno (DQO), amoníaco y elementos traza. Como resultados obtuvieron que con un pretratamiento biológico aerobio con convección natural de aire simulada y recirculación de lixiviados, se puede reducir una cantidad considerable de volumen y de materia orgánica fácilmente biodegradable.

La digestión aerobia es un tratamiento biotecnológico que es definido como un proceso mediante el cual, una serie de microorganismos van degradando la materia orgánica en presencia de oxígeno. Otra definición fue propuesta por Shammas & Wang (2007) hacen referencia a que la digestión aerobia es la estabilización bioquímica oxidativa de lodos provenientes de plantas de tratamiento de agua en tanques cerrados o abiertos que son separados desde el sistema líquido del proceso. Esta técnica biotecnológica tiene como objetivo la reducción de la materia orgánica como se lleva a cabo en un proceso de compostaje. Las biotecnologías tanto aerobia como anaerobia, han sido alternativas sostenibles a las actuales estrategias de disposición, ya que la materia orgánica es estabilizada y su volumen es reducido (Yangin Gomec et al., 2011).

Para un proceso de degradación de materia orgánica, el pretratamiento de la materia prima es esencial para aumentar su digestibilidad y el potencial de generación de energía, ya que un desafío para el aprovechamiento de las materias primas es su lenta digestibilidad y la velocidad limitante de la hidrólisis con la que se lleva a cabo su degradación. Para acelerar la digestión de residuos orgánicos se han aplicado varios métodos de pretratamiento como los mecánicos, térmicos y biológicos como la digestión aerobia. Estas técnicas se usan comúnmente en combinación, con el objetivo de la recuperación de los materiales, la producción de energía y la minimización de la cantidad de los residuos llevados a los sitios de disposición final (Yangin Gomec et al., 2011).

El pretratamiento biológico reduce considerablemente las emisiones y reduce la cantidad de residuos que son llevados al sitio de disposición final, durante este tratamiento, los componentes de los RSO son degradados y estabilizados bajo condiciones controladas (Zach et al., 2000). Algunos de los objetivos principales del pretratamiento biológico son: degradar los compuestos orgánicos fácilmente degradables de RSU en un periodo corto de tiempo bajo condiciones controladas, mejorar la calidad deseada de producto final y aumentar la producción metanogénica en el sitio de disposición final (D. P. Komilis et al., 1999).

### **1.3.1 Mineralización de materia orgánica**

La mineralización se define como la conversión de materia orgánica en dióxido de carbono (CO<sub>2</sub>) y agua. Dentro del proceso de compostaje, esa mineralización ocasiona el descenso del pH en etapas tempranas. Sin embargo, después de la primera etapa de degradación de materia orgánica por acción microbiana, el pH comienza a subir debido a la liberación de amoníaco y de la eliminación de los ácidos orgánicos producidos anteriormente (Unmar & Mohee, 2008) ocurriendo la mineralización activa del nitrógeno y del carbono orgánicos fácilmente degradables principalmente durante la fase termófila del proceso de degradación de materia orgánica debido a las temperaturas elevadas. La mineralización la llevan a cabo microorganismos, que de acuerdo con Mironov et al. (2021) se ha identificado que pertenecen principalmente a los géneros *Penicillium*, *Aspergillus* y *Bacillus*.

## **1.4 Tecnologías para la degradación de materia orgánica**

En los últimos años el sector de las tecnologías sostenibles está experimentando un crecimiento espectacular. Para poder ser implementadas, estas tecnologías deben cumplir una serie de requisitos que incluyen el técnico o de proceso, el económico para garantizar una rentabilidad al obtener un buen rendimiento del proceso a bajo costo de producción y, por último, deben ser socialmente aceptables desde el punto de vista ambiental y legal.

### **1.4.1 Compostaje**

El compostaje es una tecnología amigable con el ambiente para tratar y reciclar materiales orgánicos. El compostaje no solamente se usa para la FORSU, también es aplicado para los residuos que provienen de actividades industriales, de igual manera, lodos de tratamiento de agua municipales entre otros sectores (Su et al., 2025). Este proceso es reconocido como una alternativa viable y benéfica de uso final de residuos orgánicos, ya que se emplean diferentes tecnologías de compostaje que dependen de la inversión y costos de operación, tiempo requerido de estabilización y maduración y la disponibilidad de los materiales crudos (Hasanimehr et al., 2011). Además, se está priorizando como una solución sostenible para la gestión de FORSU y cada vez se utiliza más en la agricultura como mejorador del suelo, fertilizante y herramienta para la mitigación de carbono a través de la conversión del carbono inestable de la FORSU en una matriz orgánica

estable, actuando como un proceso de secuestro de carbono eficiente y rentable, además de que la aplicación de la composta madura al suelo aumenta los niveles de carbono orgánico del suelo promoviendo la actividad biológica (Cao et al., 2023).

El compostaje es un proceso bio-oxidativo parcialmente controlado a través del cual, la materia orgánica heterogénea, se mineraliza y se transforma en material humificado (Zmora-Nahum et al., 2007). Otra definición de compostaje es la propuesta por Villaseñor et al. (2011) en donde mencionan que el compostaje es un proceso de fermentación aerobia en fase sólida en donde materia orgánica es oxidada por microorganismos utilizando oxígeno atmosférico bajo condiciones controladas. El compostaje de residuos sólidos es un método muy usado para obtener un producto estabilizado que puede ser utilizado como fuente de nutrientes y acondicionador de suelo (Fourti, 2013). También es definido como un proceso biológico de degradación aerobia de materia orgánica a través de la sucesión de comunidades microbianas de hongos y bacterias que tienen específicas funciones logrando la mineralización de materia orgánica de fácil degradación y resultando en un material biológicamente estable (Noor et al., 2024; Xi et al., 2015; Yamamoto & Nakai, 2019), además, el compostaje es un proceso bioquímico que emplea microorganismos para producir fertilizantes orgánicos ricos en nutrientes como carbono, nitrógeno y fósforo, así como nutrientes orgánicos y proteínas. Sin embargo, el compostaje aerobio tradicional sufre de una conversión lenta de biomasa y una baja eficiencia de producción de sustancias húmicas (Su et al., 2025).

El compostaje es un proceso del que se han descrito cuatro fases principales basados en los cambios de temperatura que se llevan a cabo en ellas: fase mesofílica, fase termofílica, fase de enfriamiento y fase de maduración (Zhu et al., 2023). Existen numerosos parámetros biológicos que se relacionan para evaluar la calidad de la composta como la estabilidad que se refiere al estado en el que se encuentra la materia orgánica relacionando este término con la descomposición microbiana de la materia orgánica y la respiración, tanto de la materia orgánica como de los microorganismos (D. Komilis et al., 2011), la cual se asocia al consumo de O<sub>2</sub> y la producción de CO<sub>2</sub> con la mineralización de la materia orgánica de la composta durante su incubación (Francou et al., 2008). Es de gran importancia saber qué microorganismos se encuentran presentes durante el proceso de compostaje. Sin embargo, los análisis para la detección de microorganismos en

ambientes complejos son moleculares o se basan en el aislamiento directo de los microorganismos y dependen de la adecuada selección de los medios de cultivo para el correcto aislamiento (Chen et al., 2023). Algunos autores mencionan que la medida de la evolución o producción de CO<sub>2</sub> es un factor que debe tomarse en cuenta para estimar la estabilidad de un proceso de degradación o estabilización de materia orgánica, además, hacen mención a que la madurez es otro parámetro biológico relacionado con la presencia o ausencia de compuestos fitotóxicos que, en la mayoría de los casos, tienen un impacto negativo en el crecimiento de las plantas (Grigatti et al., 2011; Villaseñor et al., 2011). La tecnología juega un papel clave en la definición de características finales de la composta proveniente de RSU, por ejemplo, si un sistema es abierto o parcialmente cerrado o protegido. Poder medir y monitorear el desarrollo del compostaje, es fundamental para producir composta de alta calidad. La temperatura, la relación C/N inicial, la aireación, la porosidad, el contenido de humedad y el pH son factores que afectan al proceso de compostaje (Sardarmehni et al., 2021).

Existen parámetros clave que son importantes para determinar tanto la madurez como la estabilidad de la composta y estos son: temperatura, relación C/N, pH, conductividad eléctrica (CE), olor, color, capacidad de intercambio catiónico (CEC) e índice de humificación, mientras que hay algunos que son exclusivos para la madurez como el carbón orgánico disuelto (DOC) (Zmora-Nahum et al., 2005), el índice de germinación, o exclusivos para determinar la estabilidad como el índice respirométrico o la relación nitrato/amonio (Arrigoni et al., 2024; Cerda et al., 2018; Estrella-González et al., 2020; Mahapatra et al., 2022; X. Wang et al., 2017). Adicional a ello, en caso de utilizar RSU, incluso separados desde el origen, recientemente se ha comenzado a incluir el estudio de los contaminantes, ya que en muchas ocasiones, se han encontrado restos de plásticos, especialmente microplásticos (MPs), que son aquellos que miden menos que 5 mm y que de acuerdo con algunos estudios, se han encontrado en cantidades que van entre 2.38 y 15300 mg kg<sup>-1</sup> en composta proveniente de RSU y que pueden ser capaces de incorporar entre 0.167 y 576 kg plásticos ha<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup> en suelos mejorados con composta; vidrios, que son otros de los mayores contaminantes en composta y que se han encontrado en cantidades que comprenden hasta el 17 % de la masa de la composta y que pueden representar grandes riesgos durante la manipulación de la composta; piedras y rocas que comúnmente son encontradas en composta en cantidades que oscilan entre el 1.1 y 18.2 % de la masa de la composta; metales cuyas cantidades

pueden alcanzar hasta el 1.5 % de la masa de la composta y por último, restos de papel y periódico que son materiales que en ocasiones no se degradan completamente durante en compostaje y que se han encontrado en composta proveniente de RSU (Okori et al., 2024).

#### **1.4.2 Digestión aerobia**

Una de las tecnologías para el tratamiento de RSO es la digestión aerobia, ya que es considerada como una tecnología sostenible y limpia debido al valor agregado del producto final y por las características del proceso, hay una menor producción de gases causantes del efecto invernadero a diferencia de las altas concentraciones que se generan en un proceso anaerobio (Erses et al., 2008). Los parámetros para cuantificar en la degradación aerobia y sus implicaciones tecnológicas son: el porcentaje de sólidos totales, de sólidos volátiles, el porcentaje de biodegradabilidad de la fracción fácil y difícilmente biodegradable, la relación C/N y el tamaño de partículas (Gautam et al., 2010, 2011).

Estudios han demostrado que la hidrólisis de la materia orgánica a sustratos solubles es un paso limitante de la degradación de RSO, por lo que pretratamientos físicos, químicos o biológicos como la digestión aerobia, son necesarios para reducir la velocidad de degradación total de estos residuos. Por ejemplo, el pretratamiento en sustratos como materiales lignocelulósicos causa una ligera modificación en la estructura del material complejo y disminuye su grado de polimerización liberando carbohidratos más simples y aumentando la superficie de las partículas de los residuos (Fdez.-Güelfo et al., 2011). En términos de masa, el CO<sub>2</sub>, es el compuesto predominante emitido a la atmósfera durante la digestión aerobia, dado que esta producción es un proceso natural de la descomposición de materia orgánica y a que el carbono presente en los RSO es biogénico, estas emisiones se consideran climáticamente neutras (Nordahl et al., 2023).

El término de digestión aerobia es empleado principalmente en el tratamiento de lodos provenientes de efluentes de agua residual con altos contenidos de materia orgánica. Una de las definiciones más generales es la propuesta por Mahar et al. (2009) que es la disminución de la materia orgánica fácilmente degradable debido a la acción microbiana teniendo como objetivo principal degradar los componentes de los RSO más fácilmente degradables bajo condiciones estrictamente controladas y en corto tiempo. La digestión de residuos puede llevarse a cabo de manera independiente bajo condiciones aerobias o anaerobias, o en combinación de ambas y puede

emplearse en un rango de temperatura que puede ser ambiental o hasta termófilas (50-60 °C) necesitando suficiente oxígeno; estudios llevados a cabo por Zupančič & Roš (2008) indican que el potencial de oxígeno por absorción es bajo debido a que la solubilidad del oxígeno es baja a temperaturas termofílicas y porque la velocidad de degradación es mucho mayor a temperaturas altas, por lo cual la demanda de oxígeno es alta.

#### ***1.4.2.1 Respirimetría de la digestión aerobia de materia orgánica***

Recientemente se ha establecido que la respirometría es una de las metodologías más aceptadas para determinar la estabilidad en la composta (Sánchez Arias et al., 2012). Estas técnicas se basan en el consumo de oxígeno biológico o en la producción de CO<sub>2</sub> por residuos biológicos inestables en condiciones aeróbicas. Sin embargo, los métodos de consumo de O<sub>2</sub> son recomendados en la literatura porque el CO<sub>2</sub> puede ser producido tanto en condiciones aeróbicas como anaeróbicas (Villaseñor et al., 2011), además que estos métodos son de fácil uso en fermentaciones en estado sólido debido a la complejidad de la separación de la biomasa en este tipo de fermentaciones (Ínce et al., 2020). Otra condición a considerar es que los sensores de medición de CO<sub>2</sub> son más robustos, económicos y estables que los sensores de medición de O<sub>2</sub>.

#### ***1.4.2.2 Modelado matemático***

Existen procesos biológicos como el compostaje, que pueden ser descritos matemáticamente por modelos como el logístico, exponencial o el de Gompertz (Martínez-Valdez et al., 2015). También se han empleado modelos que describen el consumo del sustrato como el modelo clásico de (Pirt, 1965) el cual relaciona el consumo del sustrato con el crecimiento del microorganismo e introduce el término de mantenimiento (*m*). Estos modelos describen cultivos axénicos en los que se mantienen los rendimientos constantes durante todo el cultivo. El uso adecuado de ecuaciones cinéticas de curvas de mineralización hace posible calcular la fracción del carbono potencialmente mineralizable y su tasa de mineralización utilizando ecuaciones de primer orden o diferente orden de reacción (Bernal et al., 1998). La descripción matemática de la evolución del CO<sub>2</sub> durante la mineralización de la FORSU ha mostrado algunas dificultades debido a la composición de las fuentes de carbono complejas y variadas que se emplean. Martínez-Valdez et al., 2015, demostraron que el modelo logístico puede ser empleado en cultivos mixtos no axénicos al estudiar la mineralización rápida de la FORSU. De igual manera, existen otros



parámetros como la constante de mineralización, coeficiente de mantenimiento, consumo de oxígeno con respecto a la producción de CO<sub>2</sub>, que pueden ser explicados por modelos matemáticos previamente descritos (Estrada-Martínez et al., 2021).

### **1.4.3 Microorganismos y enzimas involucradas en el proceso de degradación de materia orgánica**

Los microorganismos llevan a cabo sus procesos metabólicos rápidamente y con una alta especificidad bajo condiciones ambientales catalizadas por reacciones mediadas enzimáticamente. Las nuevas alternativas para evitar el uso de sustancias químicas han llevado a la exploración de la biodiversidad microbiana natural para descubrir enzimas que incluso, dejen biodisponibles algunos otros nutrientes, utilizando un gran espectro de microorganismos que pueden producir una variedad de enzimas bajo condiciones apropiadas (Gautam et al., 2011). Una alternativa para la producción de enzimas es utilizar el cultivo en medio sólido empleando subproductos agroindustriales, ya que este tipo de cultivo simula el ambiente natural de los microorganismos con un enorme potencial para la producción de enzimas hidrolíticas (Castilho et al., 2000; Dhillon et al., 2012) teniendo especial interés en aquellos procesos en los que el producto fermentado puede ser usado directamente como fuente de enzimas (A. Pandey et al., 1999). Dentro de los subproductos que se han usado para producir enzimas por fermentación en medio sólido, se han estudiado sistemas que usan combinaciones de éstos para producir una o dos enzimas de interés por un solo microorganismo. Entre ellos podemos citar el uso de residuos de la industria de cítricos para producir complejos multienzimáticos fúngicos de *Aspergillus niger* BTL, *Fusarium oxysporum* F3, *Neurospora crassa* DSM 1129 y *Penicillium decumbens* (Mamma et al., 2008), azúcar de caña para producir celulasas y xilanasas por *Penicillium echinulatum* (Camassola & Dillon, 2009), salvado de trigo y cáscara de naranja para producir pectinasas por *Aspergillus* spp. (Heerd et al., 2012), subproductos de la industria vinícola para producir glucosidasas, pectinasas, proteasas, amilasas y xilanasas usando *Saccharomyces* y otras levaduras (Maturano et al., 2012), residuos de uva y cáscara de naranja para producir enzimas hidrolíticas secretadas por *Aspergillus awamori* (Díaz et al., 2013), siendo en todos los casos, uno o dos subproductos y cultivos axénicos de microorganismos plenamente identificados como productores de enzimas específicas.

Gautam et al. (2011), a partir de microorganismos aislados de RSU, composta y suelo rico en materia orgánica, hicieron una selección de cepas productoras de enzimas celulolíticas para ser utilizados en un proceso de degradación de la FORSU. Emplearon el método del rojo Congo utilizando carboximetilcelulosa para seleccionar cepas productoras de enzimas celulolíticas. Aislaron 250 cepas de las cuales 45 mostraron buena producción de celulasas como *Clostridium thermocellum*, *Streptomyces* spp., *Ruminococcus* spp., *Pseudomonas* spp., *Cellulomonas* spp., *Bacillus* spp., *Serratia*, *Proteus*, *Staphylococcus* spp., y *Bacillus subtilis*. 165 cepas pertenecieron a 37 géneros de hongos predominando géneros como *Aspergillus* spp. *Penicillium* spp. *Fusarium* y *Trichoderma* spp. Seleccionaron un hongo del último género debido a su actividad enzimática específica la que se evaluó usando el método del ácido dinitrosalicílico (DNS). Se probó el potencial de degradación inoculando esporas sobre residuos orgánicos, obteniendo como resultado que, después de 60 días de incubación, se observó una pérdida de materia orgánica del 33% de la muestra inoculada mientras que el control tuvo una pérdida del 11%. Con los resultados obtenidos, llegaron a la conclusión de que en las muestras usadas para el aislamiento fueron encontrados microorganismos con capacidad de excretar enzimas hidrolíticas que contribuyeron a la degradación de la materia orgánica presente en los RSU.

## **1.5 Marcadores empleados para la identificación de microorganismos**

Un aspecto importante para comprender los fenómenos de la degradación de la materia orgánica, es el análisis de las comunidades microbianas involucradas en el proceso, para lo cual en los últimos años se han empleado técnicas de biología molecular para comparar la estructura de estas comunidades evaluando cambios temporales o caracterizando el impacto de perturbaciones ambientales en la estructura comunal como la reacción en cadena de la polimerasa en combinación con electroforesis en gel con gradiente desnaturante (PCR-DGGE) (Bonito et al., 2010) que es un método molecular para la detección de cambios en la comunidad microbiana o para análisis comparativos de muestras ambientales, además de proveer información de la distribución y composición de las especies microbianas presentes (Tu Anh et al., 2018). Consecuentemente, se han desarrollado herramientas y métodos moleculares que se emplean para estudiar la ecología microbiana en ecosistemas complejos o procesos como el compostaje. Algunos de esos métodos incluyen marcadores moleculares que son definidos como fragmentos de una secuencia de ADN

particular siendo herramientas moleculares empleadas en muchos estudios de diversidad. Los marcadores moleculares están relacionados con variaciones alélicas que juegan un papel importante en la clasificación de microorganismos (W. Liu et al., 2012).

La técnica PCR-DGGE ha sido reemplazada por la secuenciación de nueva generación debido a los bajos costos de estudios metagenómicos. Sin embargo, la técnica DGGE permanece en uso y sus resultados son confiables (García-Uitz et al., 2024).

### **1.5.1 Marcadores moleculares para la identificación de bacterias**

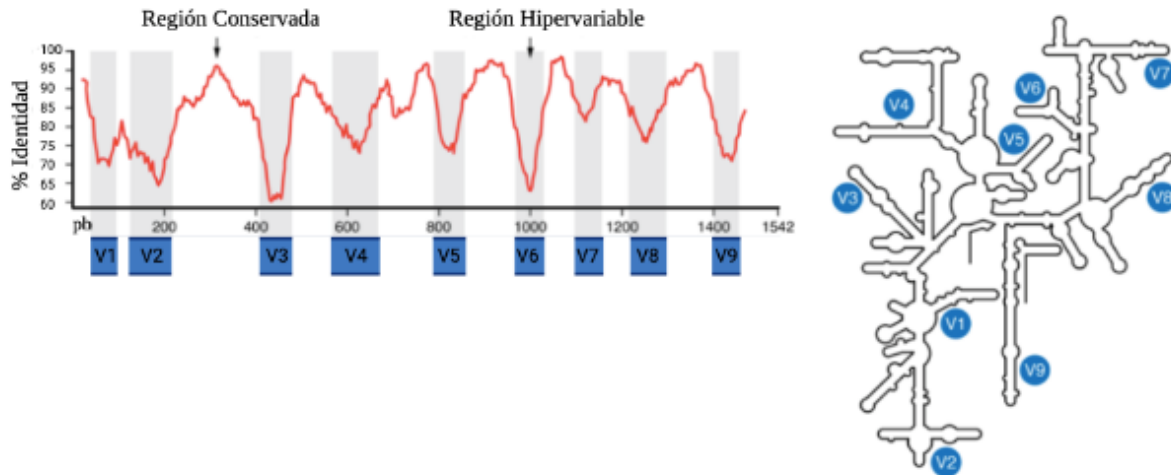
Los marcadores moleculares o también llamados genes marcadores de bacterias, ubicados ampliamente tanto en genes codificantes como en regiones no codificantes del ADN deben cumplir con ciertas características: en primer lugar la mayoría de ellos son genes presentes en todas las especies bacterianas, deben ser altamente polimórficos, lo que hace que sean distinguibles en diferentes especies; los marcadores deben ser altamente conservados en algunas regiones lo que debe facilitar el diseño de *primers*, iniciadores o cebadores para su amplificación mediante PCR. Dentro de los marcadores más comúnmente empleados en análisis moleculares podemos mencionar a los genes *rpoB*, *gyrB*, *dnaK*, *dsrAB*, *amoA*, *amoB*, *mip*, *horA*, *hitA*, *recA*, *ica*, *frc*, *oxc*, IS256, 16S-23S rDNA ISR, 23S rRNA y 16S rRNA, siendo el gen 16S rRNA el más empleado para la identificación bacteriana (W. Liu et al., 2012).

#### **1.5.1.1 Gen 16S rRNA**

Es bien sabido que los genes que codifican para las subunidades ribosomales 5S, 16S y 23S rRNA y los espacios entre esos genes son significativos para la identificación bacteriana (W. Liu et al., 2012). La secuencia del gen 16S rRNA es de un tamaño de aproximadamente 1.5 kb o 1500 pb y está compuesto por regiones variables y conservadas. Su alto grado de conservación en comparación con genes que codifican enzimas ya que la singularidad e importancia del ARN ribosomal (rRNA) lo hacen resistente a mutaciones frecuentes que podrían afectar las estructuras esenciales, incluso, debido a sus características únicas, la discriminación entre cepas de bacterias ha resultado más precisa en cuanto a bacterias pobremente descritas, raramente aisladas o fenotípicamente aberrantes, incluso en bacterias no cultivables siendo el método más comúnmente utilizado para la identificación de bacterias desconocidas (Clarridge, 2004).

### 1.5.1.1.1 Regiones variables (V1-V9)

El gen 16S rRNA tiene 9 regiones variables (V1-V9) (**Figura 1.2**) que han sido utilizadas para la identificación de especies (Y. Wang & Qian, 2009) y que difieren entre especies y géneros (Wensel et al., 2022). De ellas, la región V6-V8 (**Figura 1.2**) ha mostrado tener potencial para el estudio de la dinámica de comunidades microbianas utilizando el análisis PCR-DGGE (Piterina & Pembroke, 2013).



**Figura 1.2** Gen 16S rRNA bacteriano. Porcentaje de identidad de la secuencia de las regiones conservadas e hipervariables del gen 16S rRNA. Representación esquemática de la estructura del 16S con las regiones hipervariables marcadas. Modificado de Wensel et al. (2022).

## 1.5.2 Marcadores moleculares para la identificación de hongos

Para la identificación de hongos, históricamente se han utilizado análisis de la región nuclear ribosomal conocida como espacio interno transcrito ITS por sus siglas en inglés (*Internal transcribed spacer*). Los ITS fúngicos han sido frecuentemente propuestos como el marcador universal para la identificación de hongos. Se sabe que esta región genómica es fácilmente amplificada y secuenciada mostrando una resolución aceptable en un amplio rango de taxones, aunque no proporciona suficiente resolución en especies estrechamente relacionadas de hongos filamentosos (Oliveira & Azevedo, 2022). La región ITS puede indicarse como el marcador universal par hongos debido a su alta variabilidad interespecífica y sitios de iniciadores o *primers* conservados. Sin embargo, debido a los límites extrínsecos de longitud de las plataformas de secuenciación existentes, sólo una de las dos subunidades (ITS1 o ITS2) se pueden analizar siendo la subregión ITS1 es la que da mejores resultados debido a su resolución taxonómica (Banchi et al., 2020).

### 1.5.2.1 Espacio interno transcrito: *Internal Transcribed Spacer 1 (ITS1)*

A diferencia de las bacterias, la evolución de los hongos y su diversidad morfológica no están asociados con marcadores genéticos únicos. La identificación morfológica que se ha utilizado para los hongos presenta una barrera, por ejemplo, las diferencias morfológicas presentes en las distintas etapas reproductivas de los hongos pueden dar lugar a múltiples clasificaciones taxonómicas para el mismo organismo (Usyk et al., 2017). A diferencia de ello, los métodos moleculares que estudian regiones genéticas como la subunidad 1 del citocromo c oxidasa y el ITS han resultado herramientas útiles para la taxonomía fúngica. El ITS1 ha sido más comúnmente utilizado como marcador molecular para la identificación de hongos debido a que se han realizado diversos estudios para comparar los perfiles fúngicos entre el ITS1 y el ITS2 (Figura 1.3). Dentro de esos estudios del Micobioma (*Mycobiome*), que es definido como todos los hongos dentro de un ambiente o un nicho biológico, se ha descrito el uso del ITS1 como herramienta para identificar tanto levaduras, hongos unicelulares y hongos pluricelulares (Usyk et al., 2017).



**Figura 1.3** Regiones ITS1 e ITS2. Modificado de Usyk et al. (2017)

## 1.6 Técnicas de biología molecular empleadas en estudios de la degradación microbiana de materia orgánica

Una posible solución al problema de degradación es tratar los residuos antes de que entren al tratamiento. Estas metodologías para residuos municipales y de agricultura son la degradación aerobia y anaerobia. Estudios previos han mostrado que esas tecnologías son efectivas para tratar materia orgánica y reducción de patógenos. Sin embargo, es poco conocida la dinámica que siguen las poblaciones microbianas asociadas a esos procesos. Todo esto se debe a que, en los medios de cultivo comúnmente usados, debido a la cantidad y tipo de nutrientes, solamente una pequeña fracción de microorganismos son capaces de crecer, dejando fuera de estudio a los microorganismos incultivables, que en ocasiones resultan ser mucho más eficientes que los cultivables (McGarvey et al., 2007).

Algunos investigadores han analizado poblaciones microbianas encargadas de la degradación de residuos de orgánicos en aguas residuales, sistemas acuáticos naturales, en suelo y en compostas empleando diferentes metodologías como el análisis de los perfiles fosfolipídicos de ácidos grasos (FLPA) y el análisis del perfil de quinonas (Huang et al., 2010). Sin embargo, estos estudios no reflejan del todo las comunidades microbianas dominantes ni la diversidad taxonómica de la población total por lo que los análisis moleculares como el del gen 16S rRNA han sido una herramienta para describir la estructura de las poblaciones de muchos sitios empleando técnicas como polimorfismos de longitud de fragmentos terminales (TFLP), electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (DGGE) y una gran variedad de reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) (McGarvey et al., 2007).

En un estudio realizado por McGarvey et al., (2007), realizando el análisis de la secuencia del gen 16S rRNA empleando DGGE fue utilizado para determinar las dinámicas de las poblaciones de bacterias en residuos domésticos tratados y monitoreados durante 6 meses en reactores anaerobios y aerobios a nivel laboratorio. Las dinámicas obtenidas de estos tratamientos fueron comparadas con las dinámicas de residuos sin tratamiento llegando a la conclusión de que un tratamiento combinado aerobio y uno anaerobio son más efectivos para reducir los niveles de nutrientes que cuando se usa únicamente uno solamente; además, cada tratamiento tiene un efecto único en la estructura poblacional de los microorganismos presentes en los residuos mencionados. Los microorganismos que tuvieron mayor prevalencia en estos tratamientos fueron de los géneros *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, y *Spirochetes*. La biblioteca metagenómica que resultó del reactor aerobio mostró gran diferencia con respecto al material inicial en 8 o 9 géneros.

Bonito et al., (2010) identificaron hongos asociados al proceso de compostaje de RSO empleando técnicas de biología molecular, en especial con la técnica DGGE para estudiar el perfil obtenido mediante un análisis de clonas. Analizaron en específico los ITS de los hongos, los cuales son regiones conservadas que ayudan a la identificación de género y especie de eucariotes. Este equipo de trabajo logró identificar hongos filamentosos en todas las etapas del proceso de compostaje encontrando que la mayor prevalencia de este tipo de microorganismos fue asociada con la etapa mesófila del proceso. Los hongos identificados pertenecen a los géneros *Absidia*, *Acremonium*,

*Alternaria, Aspergillus, Chaetomium, Cladosporium, Coprinus, Emericella, Fusarium, Geotrichum, Mortierella, Mucor, Pencillium, Pseudallescheria, Scopulariopsis, Trichoderma, Paecilomyces, Penicillium, Rhizomucor, Scytalidium y Thermomyces.*

Otro estudio es el de Cytryn et al., (2011) en el que analizaron los cambios en la actividad bacteriana del suelo antes y después de aplicar composta como mejorador. Mediante el análisis de hidrólisis de diacetato de fluoresceína (FDA) determinaron la actividad hidrolítica en el suelo, la actividad metabólica microbiana la obtuvieron usando una enzima deshidrogenasa y midieron la tasa de respiración realizando mediciones del CO<sub>2</sub>. Hicieron un análisis molecular para identificar las huellas moleculares de los microorganismos dominantes en tiempos específicos después de haber adicionado la composta al suelo. Hicieron extracciones de DNA empleando un kit comercial, para después amplificar los genes ribosomales con PCR para después hacer el DGGE con gradiente desnaturalizante de formamida. Analizaron las bandas utilizando el software *Fingerprinting II Informatrix* para seleccionar las bandas de interés. Cortaron las bandas del DGGE, las purificaron y las amplificaron nuevamente para clonarlas en un vector (pGEM®-T Easy Vector System, Promega) para secuenciarlas y analizar los productos. Terminaron con la construcción de un árbol filogenético y la anotación correspondiente en la base de datos del NCBI. Como resultados obtuvieron que las dinámicas poblacionales se modificaron con respecto al tiempo, observando un comportamiento similar al proceso de compostaje con la sucesión de comunidades microbianas dentro de las que destacaron bacterias como *Pseudomonas*, Oxalobacterias, Flavobacterias, Sphingobacterias; todos estos grupos, involucrados en la recirculación de carbono y nitrógeno en el suelo y en la degradación de biomacromoléculas como proteínas, celulosa, quitina, pectina y almidón.

### **1.6.1 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)**

El propósito principal de la reacción en cadena de la polimerasa es hacer copias de una región específica de DNA o RNA para ser detectado frecuentemente por electroforesis en geles de agarosa. La metodología es rutinariamente utilizada para amplificar, modificar y clonar genes para estudios de expresión, así como para encontrar e identificar virus y bacterias. La reacción de PCR contiene cuatro componentes principales: *primers* que son conocidos también como oligos o iniciadores, DNA molde, enzima polimerasa y nucleótidos (dNTPs). La DNA polimerasa copia el

DNA molde utilizando los *primers* y los dNTPs por cada uno de los ciclos que es repetido varias veces para lograr una amplificación exponencial. La PCR tiene 3 pasos principales: desnaturalización, alineamiento y extensión. Estos ciclos se repiten en un termociclador aproximadamente entre 25 y 30 veces (Canene-Adams, 2013).

### **1.6.2 Nested-PCR**

En muchas ocasiones, cuando se hace un estudio a nivel filogenético, las concentraciones de DNA de ciertos microorganismos suelen ser por mucho, concentraciones bajas o menores en comparación con las que frecuentemente se requieren para una PCR convencional. Para ello, la técnica de Nested-PCR o PCR anidada (en español), ha sido una herramienta útil para poder tener concentraciones más altas de regiones de interés. Esta metodología se ha utilizado en análisis de diversos genes como el 16S rDNA que es universal y resulta útil para la identificación de microorganismos. En esta metodología, se llevan a cabo dos rondas de reacciones de PCR en la que en la primera ronda va dirigida a una región amplia de un gen, para que, en una segunda ronda de PCR, se utilice ese primer fragmento ahora como ADN molde y se pueda lograr la amplificación de una subregión más pequeña, pero de ese mismo gen (Yu et al., 2015).

### **1.6.3 Electroforesis en gel con gradiente desnaturizante (DGGE)**

Esta técnica inicialmente fue desarrollada para detectar mutaciones puntuales llamadas SNPs (*single-nucleotide polymorphisms*). La técnica se basa en que, en una electroforesis convencional, una molécula de DNA de cadena simple es capaz de migrar más lentamente que la molécula equivalente de doble cadena debido a que existe una mayor interacción de los nucleótidos no unidos en la molécula de cadena simple con la matriz del gel de la electroforesis; en cambio, los nucleótidos unidos por enlaces de hidrógeno en la cadena doble pasan con mayor facilidad a través del gel. Durante la DGEE se utiliza un gel de poliacrilamida que contiene un gradiente desnaturizante (urea y formamida), conforme el ADN de doble cadena pasa por el gradiente, cada molécula comenzará a desnaturizarse a una concentración específica de desnaturizante que depende de su contenido particular de % GC y el orden preciso en las bases de la secuencia dada. La técnica de DGGE es frecuentemente empleada para estudios de diversidad microbológica debido a que se estima que cada banda en un gel, corresponde a un microorganismo que puede ser identificado con una posterior secuenciación (Strathdee & Free, 2013). A pesar del hecho de que



esta técnica ha sido reemplazada virtualmente por otras metodologías más económicas o estudios metagenómicos utilizando secuenciación masiva de nueva generación (García-Uitz et al., 2024), la técnica de DGGE se mantiene útil para el estudio de comunidades microbianas, incluso P. Pandey et al. (2024) llevaron a cabo un estudio en el que ellos analizaron la evolución de comunidades microbianas y cambios microbianos en digestores anaerobios. Ellos aplican la técnica de DGGE-PCR para analizar cuáles son las bacterias dominantes en procesos de digestión aerobia de estiércol en biorreactores en condiciones mesófilas (28 °C) y termófilas (54 °C) mediante el estudio de la región variable V3 del gen 16S rRNA presente en las bacterias; esos resultados muestran que la comunidad bacteriana es afectada por la temperatura y el tiempo anaerobio de incubación con cambios significantes en la comunidad.

## **2 ANTECEDENTES DIRECTOS**

Para reducir el tiempo requerido para el proceso de compostaje, es necesario explorar diferentes maneras de modificar o mejorar las condiciones de proceso para promover la actividad específica de algunos microorganismos. Para llevar a cabo esto, es esencial tener un profundo conocimiento tanto del proceso de compostaje como de los microorganismos involucrados en él.

Dentro del grupo de investigación de la planta piloto de fermentaciones de la UAM-I, se han llevado a cabo estudios acerca de la degradación de residuos orgánicos bajo diferentes procesos.

Piña-Maldonado O. (2009) evaluó el uso del compostaje y la degradación anaerobia para el tratamiento de RO teniendo como objetivos identificar y caracterizar una fuente de RSU que sirviera como modelo de degradación acelerada en un relleno sanitario, hacer ensayos de compostaje y degradación anaerobia a nivel laboratorio y establecer las condiciones de proceso para un sistema de tratamiento sucesivo, aerobio-anaerobio. Primero se ensayó un proceso de compostaje controlado que duró 9 semanas. Se midió la evolución de CO<sub>2</sub>, temperatura, pH, densidad, espacios vacíos, actividad acuosa, humedad y cenizas. De este ensayo, se obtuvo que, en promedio, la degradación de la materia orgánica se llevó a cabo en 8 días. Para la degradación anaerobia, el tiempo de retención fue de 4 meses, midiendo la demanda química de oxígeno,

amoníaco, pH y ácidos grasos volátiles en lixiviados del proceso. En este proceso, la producción de metano fue inhibida por las concentraciones de ácido acético y propiónico existiendo un efecto amortiguador disminuyendo la producción de ácidos grasos volátiles. Por último, el tratamiento mixto (aerobio-anaerobio) controlado y acelerado trajo como consecuencia la degradación de la materia orgánica del 60% en 120 días de proceso presentando un potencial de aplicación.

Cruz-Venegas (2009) realizó un trabajo en el que evaluó la calidad de una composta proveniente de RS separados de origen en el Distrito Federal (ahora Ciudad de México) a gran escala, composta producida a partir de estos mismos residuos en la UAM-I a nivel laboratorio y muestras de varias compostas comerciales. A la par de la parte experimental, se hizo un estudio de mercado para la comercialización de composta. En el estudio, se evaluó la toxicidad de las compostas usando semillas de lechuga y lombrices rojas californianas. Como resultado se obtuvo que la composta a gran escala presentó problemas de toxicidad comparada con la que se produjo en el laboratorio. Se midió el carbono orgánico e inorgánico, conductividad eléctrica, humedad y pH. Como conclusión obtuvo que la composta elaborada a partir de RS separados de origen cumplió con normas de calidad al igual que las demás muestras comerciales.

Camacho et al. (2014) llevaron a cabo el estudio de 17 cepas microbianas aisladas de 5 compostas provenientes de residuos sólidos orgánicos. En ese estudio se cuantificaron las actividades celulolíticas y pectinolíticas de esos microorganismos y se evaluaron dichas actividades junto con el crecimiento a diferentes condiciones de pH y temperatura. Se seleccionaron 6 cepas microbianas, 3 pertenecientes al grupo de las actinobacterias y 3 al grupo de hongos filamentosos. Se inocularon sobre RSOv de jardín y se monitoreó el proceso de compostaje durante 70 días. Como conclusión se obtuvo que los microorganismos seleccionados e inoculados sobre RSOv estériles fueron capaces de igualar las actividades celulolíticas y pectinolíticas del total de los microorganismos presentes de manera endógena en el mismo sustrato.

Martínez-Valdez et al. (2015) evaluaron el efecto del pH, la relación C/N, la adición de un consorcio microbiano (MC) y la temperatura sobre la mineralización de la fracción orgánica de residuos sólidos urbanos (FORSU). La mineralización se midió mediante la tasa de producción de CO<sub>2</sub> y la formación total de CO<sub>2</sub>. Mediante este proceso, se obtuvieron hasta 432.9 mg de CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup>

de materia seca inicial (MSI) tras 2 días de tratamiento. Observaron que, con un pH ligeramente ácido (5-6) y una relación C/N de 30, el proceso de mineralización se aceleró. Además, la temperatura (27-50 °C) no afectó la producción total de CO<sub>2</sub>. La mayor tasa de producción de CO<sub>2</sub> (5.28 d<sup>-1</sup>) la observaron a 27 °C, una relación C/N de 30 y un 8 % de consorcio microbiano; es al menos 3.52 veces superior a la reportada (1.5 d<sup>-1</sup>). La mayor liberación de azúcares reductores se determinó a 50 °C, posiblemente debido a un aumento de las enzimas hidrolíticas. Los resultados sugieren el uso potencial de la mineralización rápida de la FORSU para otros procesos ambientales respetuosos.

Estrada-Martínez et al. (2019) produjeron etanol utilizando una mezcla sólida estándar (MSS), que representó la composición anual de residuos de frutas y verduras frescas generados en la Central de Abasto de la Ciudad de México. Este tipo de residuos permite la producción de bioetanol con un solo pretratamiento térmico, en lugar de tratamientos termoquímicos o enzimáticos intensivos. Inicialmente, optimizaron la liberación de carbohidratos fermentables de la MSS mediante un pretratamiento térmico suave. Posteriormente, evaluaron cultivos mixtos e individuales de *Saccharomyces cerevisiae*, *Scheffersomyces stipitis* y *Schwanniomyces occidentalis* para la producción de bioetanol. La producción máxima de etanol, 282.61 ± 13.09 L por tonelada de materia seca (MS), se alcanzó utilizando un factor de severidad (FE) de 2.35 y un cultivo mixto compuesto por *Saccharomyces cerevisiae*, *Scheffersomyces stipitis* y *Schwanniomyces occidentalis*. Evaluaron las condiciones mejoradas a escala de laboratorio en un biorreactor agitado a escala piloto (18 kg) con un factor de seguridad (FS) de 2.35 y un cultivo mixto, obteniendo 245.72 ± 17.76 L de etanol por tonelada de materia seca (MS). Los resultados obtenidos demuestran por primera vez el uso de residuos de frutas y verduras frescas para la producción de bioetanol en condiciones de cultivo en estado sólido sin pretratamiento termoquímico ni enzimático.

Jiménez-Rodríguez et al. (2020) evaluaron el efecto de un pretratamiento aeróbico sobre la hidrólisis y la acidogénesis de los residuos sólidos orgánicos (RSO). El pretratamiento aeróbico se llevó a cabo bajo tres condiciones de incubación: la primera condición fue a 30 °C durante 24 horas (isotérmica), la segunda condición fue a 30 °C durante 12 horas seguido de 12 horas a 35 °C, y la tercera condición fue a 35 °C durante 12 horas seguido de 12 horas a 40 °C. Analizaron la

actividad enzimática durante el pretratamiento aeróbico y el producto obtenido se fermentó posteriormente en reactores hidrolíticos anaerobios de lecho escurrido (RALE) para obtener ácidos grasos volátiles (AGV). Los mejores resultados de hidrólisis se lograron con el pretratamiento aeróbico a 30 °C durante 24 horas, obteniendo actividades de xilanasas y pectinasas de 115 y 73 U g<sup>-1</sup> MS respectivamente después de 18 horas y 100 U g<sup>-1</sup> MS de proteasas al inicio del proceso; valores que son 2.7, 2 y 4 veces más altos que los reportados por otros autores. Además, se obtuvo una constante de hidrólisis (k) de 0.081 d<sup>-1</sup>, con una productividad de AGV de 0.82g L<sub>r</sub><sup>-1</sup>d<sup>-1</sup>, con predominio en acetato, el principal precursor de la metanogénesis en la etapa final de la digestión anaerobia. Palabras clave: Residuos sólidos orgánicos, pretratamiento aerobio, hidrólisis, lixiviado, ácidos grasos volátiles

Espinosa-Salgado et al. (2020) produjeron un biosólido composteando el digestato de la FORSU. La masa molida de FORSU es transformada en ácidos grasos volátiles y otras sustancias solubles en el lixiviado, mientras que los sólidos no degradados conforman el digestato. Para obtener una masa de compostaje (CM) con una C/N entre 25 y 35 y una matriz que permita la aireación, se prepararon mezclas de digestato (fD), FORSU (fF) y aserrín (fS) utilizando un diseño experimental simplex centroide. Los resultados se ajustaron a un modelo de regresión múltiple para la eficiencia de degradación de sólidos volátiles ( $\eta_{vs}$ ) como variable respuesta. Encontraron que la zona de operación con la  $\eta_{vs}$  más alta fue con una CM con la siguiente composición: fD: 0.425-0.625, fF: 0.275-0.450; fS: 0.1-0.15. Diseñaron un reactor de 95 L donde se realizaron tres ensayos obteniendo un biosólido con un pH =7.5, una C/N=15 y un índice de germinación (IG) =84%. Propusieron para el control del proceso una correlación lineal entre  $\eta_{VS}$  y la producción de CO<sub>2</sub> alcanzando una rápida estabilización de CM hasta  $\eta_{vs} = 34\%$  en 12 días pudiendo utilizarse el biosólido como mejorador de suelos.

Martínez-Ramírez et al. (2021) describieron el cultivo en estado sólido (SSC por sus siglas en inglés) de *Azospirillum brasilense* para el escalamiento de la producción de biofertilizantes de laboratorio a escala piloto en un biorreactor rotativo de listones helicoidales. El sustrato utilizado fue vermiculita estéril impregnada con 40 mg g<sup>-1</sup>MSI de glicerol, extracto de levadura y peptona de caseína. Se ajustó a una humedad de 60%, una relación C/N de 12 y un inóculo de 10<sup>7</sup> UFC g<sup>-1</sup> MSI. Los autores propusieron y validaron un modelo matemático para evaluar el

comportamiento respirométrico de la producción en laboratorio y en escala piloto obteniendo resultados similares. La viabilidad celular del biofertilizante se mantuvo durante 12 meses a 4 y 30 °C y los resultados obtenidos, comprenden el primer reporte de producción de *A. brasilense* por cultivo sólido bajo condiciones controladas abriendo paso a nuevas tecnologías de producción de biofertilizantes.

### **3 JUSTIFICACIÓN**

En México, durante el año 2024, se generaron 12,404 t día<sup>-1</sup> de residuos sólidos urbanos. Tan sólo en la Ciudad de México, se estima que se producen diariamente alrededor de 12,500 toneladas de residuos sólidos urbanos, de las cuales el 38 % corresponden a la fracción orgánica. Esta fracción necesita tener un tratamiento adecuado para que se le pueda dar una valorización correcta y para disminuir los daños ambientales por un manejo inadecuado. De acuerdo con esta situación, en los últimos años se han implementado de forma continua, tecnologías que implican procesos de degradación de materia orgánica, los cuales son llevados a cabo por microorganismos como hongos y bacterias capaces de producir enzimas hidrolíticas que pueden degradar residuos sólidos orgánicos, tal como sucede en el proceso de digestión aerobia. Debido al impacto biotecnológico de este proceso, se propone la adición de composta madura como consorcio microbiano para acelerar el proceso de digestión de RSOv y de subproductos agroindustriales, lo que ha vuelto imperiosa la necesidad de modelar y estudiar el bioproceso para disminuir el tiempo de salida del producto final logrando una digestión aerobia acelerada.

### **4 HIPÓTESIS**

La adición de composta como consorcio microbiano capaz de producir enzimas hidrolíticas extracelulares contribuye con la aceleración del proceso de digestión aerobia de la fracción orgánica de los residuos sólidos urbanos.

### **5 OBJETIVOS**

#### **5.1 Objetivo general**

Evaluar el efecto de un consorcio microbiano sobre el proceso de digestión aerobia de la fracción orgánica de residuos sólidos urbanos y subproductos agroindustriales y caracterizar molecularmente su comunidad microbiana predominante.

## **5.2 Objetivos específicos**

1. Caracterizar fisicoquímicamente y molecularmente la composta que se utilizará como consorcio microbiano.
2. Determinar las condiciones óptimas de la digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos
3. Evaluar la digestión aerobia de polímeros y subproductos agroindustriales utilizando la composta como inóculo de un consorcio microbiano no axénico.
4. Realizar el seguimiento molecular del consorcio microbiano durante un proceso de digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos.

## **6 DESARROLLO EXPERIMENTAL**

La estrategia experimental que se diseñó para este proyecto se dividió en tres partes esenciales. La primera parte consistió en la caracterización fisicoquímica y molecular de un consorcio microbiano, seguido por la determinación de las condiciones óptimas de digestión de RSOv para por último realizar el análisis del consorcio seleccionado para la digestión de polímeros y subproductos agroindustriales.

### **6.1 Análisis de las condiciones climatológicas de la composta de Bordo Poniente**

La obtención de todas las muestras de composta que se utilizaron en este estudio, se hizo en la Planta de Compostaje de Bordo Poniente (PCBP) localizada en la zona oriente metropolitana de la Ciudad de México durante diferentes meses de los años 2013, 2014 y 2015 (Tabla 6.1). La planta se encuentra localizada en lo que se conoce como el Vaso Regulador del Lago de Texcoco (19.461604451263426, -99.01750305249477) ubicada en el Estado de México.

Se realizó la búsqueda de las condiciones meteorológicas de las fechas en las que se realizaron los muestreos con la finalidad de correlacionar dichas condiciones con los resultados del análisis fisicoquímico. Para ello, se obtuvo la base de datos del Sistema Meteorológico Nacional (<https://pic.conanp.gob.mx/mapa/pic>). Los datos que se obtuvieron fueron: Precipitación media (mm), temperatura máxima, temperatura mínima y temperatura promedio.

## 6.2 Caracterización fisicoquímica de composta de la Planta de Compostaje Bordo Poniente

### 6.2.1 Material biológico

A continuación, se muestran las claves de identificación de cada una de las muestras obtenidas:

**Tabla 6.1** Claves de identificación de las muestras obtenidas de la Planta de Compostaje Bordo Poniente.

Clave	Mes de muestreo	Año de muestreo	Estación del año de toma de muestra
MR13	Marzo	2013	Primavera
MY13	Mayo		Primavera
SP13	Septiembre		Otoño
OC13	Octubre		Otoño
FB14	Febrero	2014	Invierno
MZ14	Marzo		Primavera
MY14	Mayo		Primavera
JL14	Julio		Verano
SP14	Septiembre		Otoño
OC14	Octubre		Otoño
NV14	Noviembre	Otoño	
FB15	Febrero	2015	Invierno
MZ15	Marzo		Primavera
MY15	Mayo		Primavera
SP15	Septiembre		Otoño

### 6.2.2 Muestreo en campo

Para realizar el muestreo en campo, debido a que es una zona federal controlada, se solicitó autorización a las autoridades competentes para poder ingresar a la PCBP. Para el muestreo se utilizó equipo de protección personal que consistía en overol de algodón, botas de hule, guantes, lentes de seguridad y cubrebocas.

El muestreo se hizo conforme con lo descrito en *Test methods for the examination of composting and compost* (TMECC), método 02.01 (Thompson et al., 2001). Todas las muestras fueron tomadas del mismo sitio de almacenamiento de composta madura de la PCBP. Durante cada muestreo se tomaron 20 submuestras aproximadamente de 200 g. Estas muestras se tomaron de



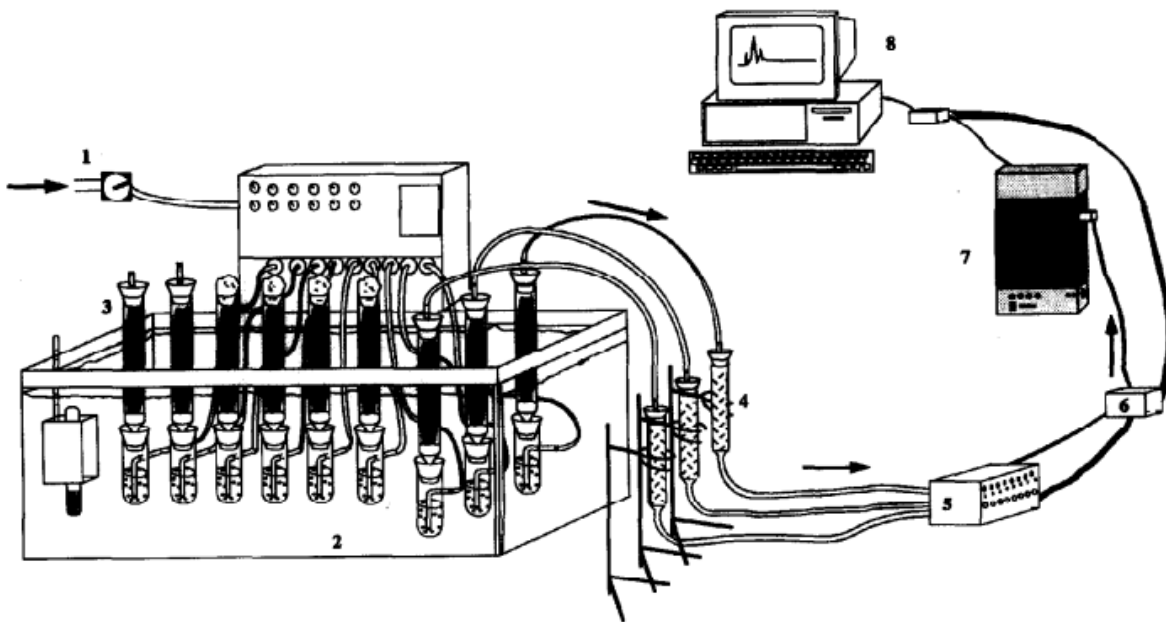
puntos equidistantes en la zona en la que se encuentra almacenada la composta terminada. Las 20 submuestras se mezclaron en el laboratorio para obtener una muestra homogenizada de 4 kg aproximadamente y se mantuvieron en cadena de frío hasta su análisis. Una vez recolectadas las muestras fueron llevadas al laboratorio y conservadas en refrigeración con la finalidad de mantener lo más intacto posible la microbiota presente en ellas. Las muestras se mantuvieron en bolsas de plástico con cierre hermético y solamente se sacaban de refrigeración cada vez que fuera necesario. Algunas muestras fueron deshidratadas para posteriormente molerlas y tamizarlas según la naturaleza de los análisis realizados.

### **6.2.3 Análisis respirométrico**

Para el análisis respirométrico, se ajustó el contenido de humedad con agua destilada, según el porcentaje requerido en cada ensayo.

El análisis se basa en lo descrito por Saucedo-Castañeda et al., (1994). En la Figura 6.1 se muestra el diagrama del equipo empleado. El fundamento del equipo está basado en mediciones en línea de CO<sub>2</sub> producido y de O<sub>2</sub> consumido utilizando un cromatógrafo de gases GowMac que usa un detector de conductividad térmica acoplado al sistema y un sistema de automuestreo (Martínez-Valdez et al., 2015).

Para preparar el material, éste se empacó en columnas de vidrio de 2 o 5 cm de diámetro. Las columnas se conectaron al equipo y se les introdujo por la parte inferior un flujo de aire húmedo con aireación forzada de entre 0.5 y 0.7 vkgm. Para mantener la temperatura, las columnas se sumergieron en un baño de agua a la temperatura deseada para cada uno de los análisis propuestos (Martínez-Valdez et al., 2015). Los datos obtenidos se procesaron posteriormente para visualizar la tasa de producción de CO<sub>2</sub>, la tasa de consumo de CO<sub>2</sub> y las concentraciones totales de consumo y producción de O<sub>2</sub> y CO<sub>2</sub>, respectivamente.



**Figura 6.1** Diagrama esquemático del sistema de respirometría. 1: entrada de aire a presión regulada, 2: baño de agua, 3: biorreactores de columna (TBRs), 4: tubo con gel de sílice, 5: muestreador de gases, 6: inyector de gases, 7: cromatógrafo de gases, 8: computadora. Tomado de Saucedo-Castañeda et al., (1994).

#### 6.2.4 Análisis fisicoquímico

Los análisis fisicoquímicos se realizaron a todas las muestras de composta, a las mezclas iniciales de residuos sólidos orgánicos y a los productos finales obtenidos después de los ensayos de digestión llevados a cabo.

##### 6.2.4.1 Humedad (% H)

Esta determinación se llevó a cabo por gravimetría usando una termobalanza digital (marca OHAUS) colocando entre 0.5 y 2 g de muestra en el platillo del equipo previamente tarado. Las muestras se deshidrataron a 130 °C hasta alcanzar un peso constante. Una vez alcanzado el peso constante, se registró el porcentaje de humedad. El análisis se hizo por triplicado siguiendo la metodología TMECC 03.09-A (Thompson et al., 2001).

##### 6.2.4.2 Análisis de pH

La metodología empleada se basa en el Método AS-21 para la medición de pH en el suelo. Esta medición se encuentra referenciada en la NADF-020-AMBT-2011 que establece las características para la producción de composta y está basada en el método 04.11 de TMCC (Thompson et al.,

2001). La obtención del pH de las muestras se realizó usando un potenciómetro previamente calibrado (Conductronic, model pH 120). Se hizo una suspensión de muestra sólida y agua destilada en relación 1:10. Se agitó mecánicamente durante 10 minutos y después y se dejó reposar durante 10 minutos. El análisis se hizo por triplicado.

#### **6.2.4.3 Determinación de la relación carbono/nitrógeno (C/N)**

Esta determinación se realizó utilizando el equipo CHN Elemental Analyzer (Modelo 2400, Series II, Perkin Elmer). Las muestras se secaron previamente a 40°C en un horno de convección, posteriormente se molieron y tamizaron en un tamiz No. 100. En una cápsula de estaño se pesaron entre 2 y 3 mg de cada muestra. Para esta determinación, se siguió el protocolo descrito en el manual de usuario del equipo utilizando acetanilida como estándar (Perkin Elmer Company, 2005). El análisis se realizó por triplicado.

#### **6.2.4.4 Azúcares reductores solubles (AR)**

En un matraz Erlenmeyer se colocaron 5 g de cada muestra y se adicionaron 20 mL de agua desionizada. Los matraces se colocaron en un agitador orbital a 21 °C durante 10 min a 300 rpm. Posteriormente, se dejaron reposar durante 10 min, se centrifugaron durante 3 min a 16,000 rpm y se tomaron alícuotas de 1 mL para hacer el análisis de AR solubles por el método del DNS modificado de Miller (Miller et al., 1960) que consistió en adicionar 1.5 mL del reactivo DNS a tubos con 1 mL de extracto, para después colocarlos en un baño de agua a ebullición durante 10 min para desarrollar color. Una vez transcurrido ese tiempo, se sumergieron en un baño de agua fría y se leyó la absorbancia a 630 nm en un lector multiplacas (Elx808, BioTek). Se hizo la curva patrón de glucosa correspondiente para el análisis.

#### **6.2.4.5 Actividad enzimática**

Para establecer las condiciones de trabajo, se hizo una curva de barrido para comparar y determinar hasta qué tiempo de incubación (desde 5 hasta 60 minutos) que mantuvo una linealidad en las lecturas de absorbancia. Como controles se utilizaron enzimas comerciales de *Aspergillus niger* (celulasa) y de *Trametes versicolor* (xilanasa) usando 0.01 U mL<sup>-1</sup> de cada enzima.

Las actividades amilasa, pectinasa, celulasa y xilanasa se cuantificaron a través de la liberación de azúcares reductores en el medio utilizando como sustratos almidón soluble, ácido

poligalacturónico, carboximetilcelulosa y xilano de abedul respectivamente; todos preparados al 0.25 % en buffer de citratos 50 mM, pH 5 y 50 °C (Heerd et al., 2012). Se empleó el método del DNS (Miller et al., 1960) en un microensayo con volumen final de 650 µL. La lectura de las absorbancias se realizó en un lector de microplacas (Elx 808, Biotek) utilizando el método de microensayo modificado de (Ortiz et al., 2014; Z. Xiao et al., 2005). Los resultados de actividad enzimática se expresaron en U g<sup>-1</sup>MS. Una unidad de actividad enzimática (U) se definió como la cantidad de enzima que liberó un µmol de azúcar reductor por minuto en las condiciones de ensayo. Todos los análisis fueron realizados por triplicado.

### **6.3 Análisis molecular de las comunidades microbianas del consorcio microbiano**

Para llevar a cabo el análisis molecular, se consideraron 15 muestras de composta madura de la PCBP que fueron almacenadas en congelación (4 °C) hasta su uso.

Las siguientes técnicas se utilizaron para hacer el análisis PCR-DGGE:

#### **6.3.1 Extracción de ADN**

El ADN metagenómico de las muestras se extrajo utilizando un kit comercial de extracción (PowerSoil® DNA Isolation Kit, MO BIO Laboratories, Inc.) a partir de pastillas de biomasa de entre 0.8 y 1 g.

#### **6.3.2 Preparación y cuantificación del ADN metagenómico**

La integridad, concentración y pureza del ADN metagenómico fueron determinadas espectrofotométricamente (NanoDrop 2000, Thermo Scientific). Se seleccionó el ADN que tuvo una relación mínima  $A_{260}/A_{280}$  de 1.8.

#### **6.3.3 Electroforesis**

Para la visualización de ADN y amplicones de las reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) se prepararon geles al 1 % de agarosa disuelta en TAE 1X y se colocaron en las cámaras de electroforesis para cargar las muestras en los pozos correspondientes. Los geles se corrieron a 90 V durante 45 min en *buffer* TAE 0.5X para posteriormente teñirlos con Texas Red® (Thermo

Fisher Scientific). La captura de las imágenes se realizó en un fotodocumentador Gel Logic 2200 Pro (Carestream Health, Inc.).

### **6.3.4 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)**

Para el estudio filogenético se analizaron dos regiones diferentes para bacterias y hongos. En el caso de las bacterias, primero se amplificó el gen 16S rDNA seguida por una amplificación anidada de la región V6-V8 del mismo gen. Para el estudio de los hongos, primero se amplificó la región genómica que codifica para los ribosomas que incluyen a los espacios intergénicos transcritos (ITS) ITS1 e ITS2. Posterior a eso, se amplificó el ITS1 de dicha región.

#### **6.3.4.1 Amplificación del gen 16S rDNA para el análisis de bacterias**

Para el caso de bacterias, las condiciones de amplificación de la reacción de PCR fueron las siguientes. La amplificación del gen 16S rDNA se llevó a cabo en un termociclador de punto final (Multigene, Labnet International, Inc.). Los iniciadores usados para la amplificación fueron el 8F (5'AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG - 3') y el 1492R (5' TAC GGT TAC CTT GTT ACG ACT T 3') (Forney et al., 2004). La mezcla del volumen final de reacción de 50  $\mu$ L contenía buffer 1 X, 1.5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 200  $\mu$ M de cada dNTP (Promega Corporation USA), 10 pM de cada iniciador, 1.5 U de GoTaq® Flexi DNA Polymerase (Promega Corporation USA) y 1-20 ng  $\mu$ L<sup>-1</sup> de ADN molde. Las condiciones de amplificación fueron: 2 min a 95 °C para la desnaturalización inicial, seguido de 25 ciclos que incluyen cada uno, 30 s a 95 °C, 30 s a 50 °C y 1 min a 72 °C seguidos de una extensión final de 5 min a 72 °C. Los amplicones obtenidos fueron almacenados a 4 °C después de su electroforesis (90 V, 45 min) en un gel de agarosa al 1 % teñido con Texas Red® (Thermo Fisher Scientific) para su análisis en un transiluminador (Gel Logic 2200 Pro, Carestream Health, Inc.).

##### **6.3.4.1.1 Amplificación de la región V6-V8 del gen 16S rDNA**

Posterior a la amplificación del 16S rDNA, se realizó una nueva amplificación anidada (Nested-PCR) para amplificar la región V6-V8 utilizando como ADN molde el amplicón obtenido previamente. Se usaron los iniciadores 1070F y (5' ATG GCT GTC GTC AGC T 3') y 1392R+GC (5' GCC GCC CGC CCC GCG CCC GGC GCC GCC CCC GCC CCC C ACG GGC GGR GRG CT 3') (Burr et al., 2006) utilizando las mismas condiciones de amplificación cambiando

únicamente la temperatura de alineamiento a 55 °C. La visualización de los amplicones se realizó en geles de agarosa al 1% como se describió anteriormente. Todas las muestras se purificaron utilizando un kit comercial (Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System, Promega Corporation) siguiendo el protocolo descrito por el proveedor eluyendo en agua libre de nucleasas, cuantificando la cantidad final de las muestras purificadas y visualizándolas en geles de agarosa.

#### **6.3.4.2 Amplificación del espacio intergénico transcrito (ITS) de hongos**

Para el caso de la PCR de los hongos, se llevó a cabo una primera reacción de amplificación de 50 uL de volumen final empleando los iniciadores ITS1 (5' TCC GTA GGT GAA CCT GCG G 3') e ITS4 (5' TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC 3') (White et al., 1990). La mezcla de reacción fue preparada como sigue: 1X PCR Super Master Mix (Biotools, B&M Labs,S.A.), 10 pM de cada iniciador y 1-20 ng de ADN molde. Las condiciones de amplificación fueron estandarizadas como sigue: 3 min a 95 °C para la desnaturalización inicial, seguido de 30 ciclos que incluyen cada uno, 30 s a 95 °C de desnaturalización, 30 s a 60 °C de alineamiento, 30 s a 72 °C de extensión y por último una extensión final de 2 min a 72 °C.

##### **6.3.4.2.1 Amplificación del ITS1 para la identificación de hongos**

La segunda reacción de amplificación se llevó a cabo utilizando como ADN molde, el producto anterior utilizando los iniciadores ITS2 (5' GCT GCG TTC TTC ATC GAT GC 3') y ITS5-GC (5' CGC CCG CCG CGC GCG GCG GGC GGG GCG GGG GCA CGG GGG GAA GTA AAA GTC GTA ACA AGG 3') sintetizados por la Unidad de Síntesis y Secuenciación de DNA del Instituto de Biotecnología de la UNAM. Las condiciones de la mezcla de reacción y de la reacción de amplificación fueron las mismas con excepción de la temperatura de alineamiento que se incrementó a 65 °C.

#### **6.3.5 Electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante (DGGE)**

Los perfiles de los amplicones, fueron analizados utilizando una cámara vertical de electroforesis (DCode Universal Mutation Detection System Bio-Rad Laboratories) en geles al 7 % de acrilamida:bisacrilamida (37.5:1) con un gradiente desnaturalizante en paralelo de 30-65 % para el análisis de bacterias y de 25-55 % para el análisis de hongos. La electroforesis fue realizada durante 19 h en buffer TAE 0.5X a temperatura y voltaje constantes de 60 °C y 80 V

respectivamente (Neilson et al., 2013). Cada carril del gel se cargó con una concentración de 100 ng de amplicones purificados provenientes de la Nested-PCR. Transcurrido el tiempo de electroforesis, los geles de acrilamida fueron revelados con plata por la técnica descrita por (Sanguinetti et al., 1994). Los geles obtenidos se digitalizaron en un fotodocumentador MiniLumi (DNR Bio-Imaging Systems) para el análisis de bandas utilizando el programa GelQuant (DNR Bio-Imaging Systems). Las bandas seleccionadas fueron cortadas y amplificadas nuevamente utilizando los iniciadores 1070F y 1392R sin la grapa de –GC en el caso de bacterias y con los iniciadores ITS2 y ITS5 sin la grapa de –GC para los hongos.

### **6.3.6 Purificación de amplicones**

Para purificar los productos obtenidos, se utilizó el kit Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System (Promega Corporation). Posteriormente, las muestras fueron cuantificadas y preparadas para su posterior secuenciación.

### **6.3.7 Secuenciación y análisis bioinformático**

Las muestras purificadas y cuantificadas se enviaron a la empresa Macrogen, (Seúl, Corea) para su secuenciación. El análisis de las secuencias se llevó a cabo comparando con la base de datos de los genes 16S rDNA e ITS1 del Genbank usando BLAST, después de editar las secuencias con los programas bioinformáticos ClustalX V.2.1 y BioEdit V.7.2.5 (<http://www.clustal.org/clustal2/>) (<http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>).

Las secuencias se compararon con las bases de datos de 16S rDNA e ITS1 del GeneBank usando BLASTn; las secuencias de microorganismos incultivables fueron excluidas.

## **6.4 Establecimiento de las condiciones de óptimas del proceso de digestión de residuos sólidos orgánicos vegetales (RSOv).**

Durante esta fase, se realizaron varias pruebas para evaluar y determinar las mejores condiciones de operación del montaje de los biorreactores para la digestión de RSOv. Se evaluó el ajuste de humedad, el diseño de la mezcla de RSO inicial y el pH inicial.

Para ello, se colocaron TBRs que contenían RSOv, el consorcio microbiano y para el ajuste de humedad se agregó agua destilada hasta el punto en el que no se observaba la formación de gotas de agua en los TBRs. Para ajustar el pH inicial, se utilizó ácido cítrico en polvo.

Para determinar la proporción de consorcio microbiano (composta) adicionada a la mezcla, se evaluaron dos niveles de adición, 5 y 8% ajustando con la cantidad de RSOv frescos. Como complemento para el diseño de la mezcla, se llevaron a cabo análisis de CHN (ver 6.2.4.3) a diferentes materiales que pudieran ser empleados como agentes de volumen para el ajuste de la relación C/N inicial.

Cabe mencionar que, una vez realizados los ajustes, el análisis respirométrico se hizo de la misma manera que se describe en el punto 6.2.3.

## **6.5 Digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos vegetales**

Durante esta etapa, se realizó el estudio de la digestión aerobia de RSO v utilizando la mezcla seleccionada en el punto anterior y haciendo análisis fisicoquímicos de pH, AR, humedad (%) y actividades enzimáticas del proceso que se llevó a cabo durante 120 h. El ensayo se realizó en reactores tubulares de 5 cm de diámetro y 15 cm de altura. Se analizaron los datos para obtener la tasa de producción y la producción total de CO<sub>2</sub>. Se realizó un análisis enzimático para determinar la actividad amilasa, celulasa, xilanasas y pectinasa como se describe en el punto 6.2.4.5. La muestra que se utilizó fue la FEB14 y se obtuvo conforme a lo descrito en el punto 6.2.2.

## **6.6 Efecto de la adición de polisacáridos y subproductos agroindustriales como inductores de actividad enzimática utilizando composta como soporte y consorcio microbiano**

Se estudió el efecto de la adición de inductores de diferentes actividades enzimáticas (polisacáridos y subproductos agroindustriales) sobre la tasa de producción de CO<sub>2</sub> usando composta como soporte y fuente de microorganismos.

Los ensayos se realizaron en reactores tubulares (TBRs) de 5 cm de diámetro y 15 cm de altura. Todos los inductores (polisacáridos y subproductos agroindustriales) se adicionaron



individualmente y a una concentración de 50 mg g<sup>-1</sup> MS. Los polisacáridos ensayados fueron: carboximetilcelulosa (CMC) (Sigma-Aldrich), ácido poligalacturónico (P) (Sigma-Aldrich), almidón soluble de papa (S) (Sigma-Aldrich) y xilano de abedul (X) (Sigma-Aldrich). Los subproductos agroindustriales probados fueron: cascarilla de arroz, cáscara de manzana, cáscara de papa y pulpa de café. Una mezcla de los 4 polisacáridos (ácido poligalacturónico, almidón, carboximetilcelulosa y xilano en concentraciones de 12.5 mg g<sup>-1</sup> MS de cada uno) y una mezcla de los subproductos agroindustriales (cascarilla de arroz, cáscara de manzana, cáscara de papa, y pulpa de café) también fueron probadas en diferentes tratamientos y a las concentraciones que se describen en la

Tabla 6.2 para analizar la estimulación de las actividades enzimáticas amilasa, pectinasa, celulasa y xilanasas dependiendo el sustrato adicionado. Todas las mezclas de polisacáridos y subproductos con composta fueron ajustadas entre 40 y 50% de humedad con agua destilada.

### **6.6.1 Caracterización de la composta**

La obtención de la muestra empleada para esta sección, se llevó a cabo como lo indica el punto 6.2.2. Dicha muestra se transportó en cadena de frío hasta su llegada al laboratorio. La muestra fue identificada con la clave SP15 (Tabla 7.1). Para caracterizar la muestra, se realizaron los análisis de pH, humedad (%), C/N, AR y tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub> siguiendo las metodologías descritas en la sección 6.2.4.

### **6.6.2 Preparación de los subproductos empleados como inductores de actividades enzimáticas**

Antes del montaje de los biorreactores, los subproductos se esterilizaron a 121 °C a 15 lb in<sup>-2</sup> durante 30 min (de Souza et al., 2012) y se determinó la concentración de azúcares reductores antes y después del tratamiento térmico (Miller Gail L., 1959) de acuerdo con la metodología descrita en el punto 6.2.4.4.

En la Tabla 6.2 se muestra el nivel de adición de polisacáridos y subproductos empleados en la preparación de cada una de las mezclas y controles que fueron utilizados como inductores en la producción de enzimas durante la digestión aerobia de material orgánico:

**Tabla 6.2** Nivel de adición de polisacáridos y subproductos usados para la inducción de enzimas hidrolíticas.

<b>Tratamiento 1 Polisacáridos</b>	<b>Concentración [mg g<sup>-1</sup> MS]</b>	<b>Tratamiento 2 subproductos agroindustriales</b>	<b>Concentración [mg g<sup>-1</sup> MS]</b>	<b>Enzima inducida</b>
Carboximetilcelulosa [CMC]	50	Cascarilla de arroz [RH]	50	Celulasas
Ácido poligalacturónico [P]	50	Cáscara de manzana [AP] Pulpa de café [CP]	50 50	Pectinasas Pectinasas
Almidón soluble [S]	50	Cáscara de papa [PP]	50	Amilasas
Xilano de abedul [X]	50	Cascarilla de arroz [RH]	50	Xilanasas
<b>Mezcla de polisacáridos [Polisac100]</b>		<b>Mezcla de subproductos [SubAgro100]</b>		
Carboximetilcelulosa [CMC]	25	Pulpa de café	25	Pectinasas
Ácido poligalacturónico [P]	25	Cáscara de manzana	25	Pectinasas
Almidón soluble [S]	25	Cáscara de papa	25	Amilasas
Xilano de abedul [X]	25	Cascarilla de arroz	25	Celulasas y xilanasas
Control [W1] Composta + agua	-	Control [W2] Composta + agua	-	-

### 6.6.3 Análisis respirométrico

Los TBRs fueron empacados con los materiales de los diferentes tratamientos e incubados a  $35 \pm 0.1$  °C con un flujo de aire de  $0.5 \text{ mL min}^{-1} \text{ g}^{-1}\text{MS}$  durante 48 h. El  $\text{CO}_2$  (%), el  $\text{O}_2$  (%) y el flujo de aire ( $\text{mL min}^{-1}$ ) proveniente de los TBRs se midieron utilizando un sistema respirométrico que permite analizar en línea y en tiempo real estos gases (Martínez-Valdez et al., 2015). La mineralización se expresó en términos de la tasa de producción de  $\text{CO}_2$  ( $\text{mg CO}_2 \text{ h}^{-1} \text{ g}^{-1}\text{MSI}$ ) y la formación total de  $\text{CO}_2$  ( $\text{mg CO}_2 \text{ g}^{-1} \text{MSI}$ ).

### 6.6.4 Análisis fisicoquímico

Durante los ensayos, se tomaron muestras a 0, 4, 24 y 48 h. El contenido de cada TBR se desempacó, 5 g de muestra fueron deshidratadas a 105 °C por 24 h para la determinación de humedad por gravimetría. Una vez deshidratadas las muestras, se molieron y se tamizaron en malla No. 100 para realizar el análisis elemental CHN (Elemental Analyzer CHN, Perkin Elmer 2400). Para determinar pH y actividad enzimática, se tomaron 10 g de muestra y se colocaron en matraces de 250 mL, se adicionaron 25 mL de agua fría y se agitaron en un agitador orbital a 300 rpm

durante 5 minutos. Los matraces se dejaron reposar durante 10 minutos y se determinó el pH en el sobrenadante. Se tomaron muestras de 2 mL y se colocaron en microtubos, se centrifugaron a 9000 rpm durante 3 minutos, el sobrenadante se separó de la biomasa y se almacenó en frío hasta el análisis enzimático.

### **6.6.5 Ensayo enzimático**

La cuantificación de actividades enzimáticas se realizó como se describe en la sección 6.2.4.5 de este documento.

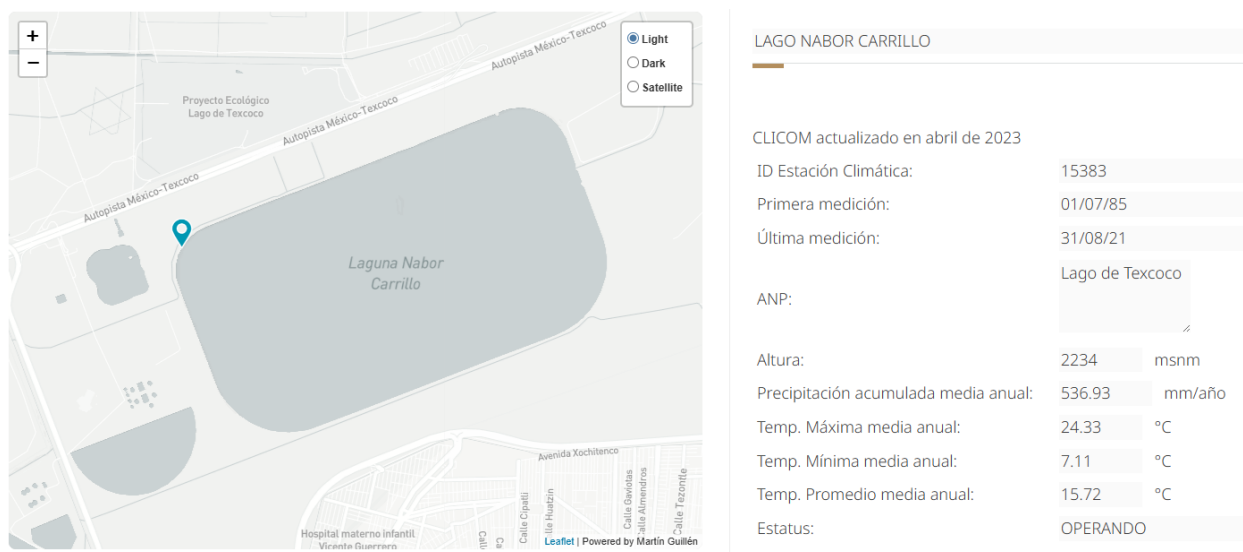
### **6.7 Análisis estadístico**

Todos los análisis fueron realizados por duplicado o triplicado y los resultados se expresaron en base seca como la media  $\pm$  desviación estándar. Se utilizó el análisis de varianza bifactorial (*Two Way ANOVA*) para encontrar diferencias significativas entre muestras y tratamientos ( $\alpha=0.05$ ). Todos los análisis estadísticos fueron realizados utilizando el programa SigmaPlot V. 12.0 (Systat Software Inc., San José, Cal.). Las gráficas presentadas se elaboraron en el software SPSS.

## 7 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 7.1 Condiciones climatológicas durante el muestreo de composta

Se obtuvieron un total de 15 muestras que se describen en la Tabla 6.1. Cuatro corresponden a los años 2013 y 2015, y siete al año 2014. En cuanto a temporalidad, se lograron obtener muestras de las cuatro estaciones del año, siendo mayor la frecuencia en verano y otoño. Durante el año 2014, la PCBP tuvo una tecnificación en el proceso de compostaje y en la localización del producto terminado para su estabilización. De igual manera, se obtuvieron los datos de precipitación pluvial mensual promedio y temperatura (mínima, máxima y promedio) de la base de datos del Sistema Meteorológico Nacional (SMN), específicamente de la estación meteorológica del Lago Nabor Carrillo (código C15383) en el Municipio de Texcoco de Mora, Estado de México (Figura 7.1). La estación meteorológica está a 2 km de la PCBP.



**Figura 7.1** Ubicación de la estación meteorológica del Lago Nabor Carrillo. Tomado de <https://pic.conanp.gob.mx/mapa/pic>

Los meses con la mayor cantidad de precipitaciones pluviales registradas fueron septiembre 2013, octubre 2014 y mayo 2015 con 4.6, 4.9 y 4.4 mm m<sup>-2</sup>, respectivamente (**Tabla 7.1**). La temperatura mínima para los meses de muestreo se mantuvo en intervalos entre 3.4 y 12 °C, la temperatura máxima estuvo entre 22 °C (febrero 2015) y 27.5 °C (mayo 2013) y el promedio de temperatura registrado en la estación meteorológica estuvo entre 12.8 y 18.4 °C. Notablemente, en la Ciudad

de México, el periodo de poca lluvia o de sequía ocurre entre los meses de diciembre y abril. Durante esos meses, las precipitaciones disminuyen y el clima se encuentra más seco.



**Figura 7.2** Domo de maduración de la composta producida en la PCBP de la Ciudad de México.

En el año 2014, la PCBP tuvo un rediseño en el proceso de compostaje y cambió la localización del producto terminado para su estabilización. Anterior a ese rediseño, la composta final era colocada a cielo abierto favoreciendo la humidificación en los meses de lluvia y deshidratación durante los meses calurosos ocasionando que el producto final mostrara diferencias en sus características finales. Durante la tecnificación de la PCBP, la composta madura se ubicó en un domo para mantenerla el resto del año, como se muestra en la Figura 7.2.

**Tabla 7.1** Códigos de identificación y condiciones meteorológicas durante el muestreo en la PCBP en la Ciudad de México.

Año	Mes	Código	Estación	Temporada	Precipitación (mm m <sup>-2</sup> ) *	Temp. Promedio (°C)	Temp. Máxima (°C)	Temp. Mínima (°C)
2013	Marzo	MR13	Primavera	Seca	0.0	14.7	24.4	5.0
	Mayo	MY13	Primavera	Húmeda	1.3	18.4	27.5	9.2
	Septiembre	SP13	Otoño	Húmeda	4.6	17.2	22.4	12.0
	Octubre	OC13	Otoño	Húmeda	1.4	16.5	23.5	9.4
2014	Febrero	FB14	Invierno	Seca	1.8	14.1	24.7	3.4
	Marzo	MR14	Primavera	Seca	0.8	16.0	25.3	6.8
	Mayo	MY14	Primavera	Húmeda	2.1	17.2	25.2	9.1
	Julio	JL14	Verano	Húmeda	3.6	17.1	24.0	10.3
	Septiembre	SP14	Otoño	Húmeda	2.8	17.3	24.0	10.7
	Octubre	OC14	Otoño	Húmeda	4.9	15.5	22.4	8.5
	Noviembre	NV14	Otoño	Seca	0.1	14.2	22.6	5.9
2015	Febrero	FB15	Invierno	Seca	0.1	12.8	22.2	3.5
	Marzo	MR15	Primavera	Seca	3.1	15.0	22.8	7.2
	Mayo	MY15	Primavera	Húmeda	4.4	17.8	25.5	10.0
	Septiembre	SP15	Otoño	Húmeda	2.0	17.2	23.7	10.8

\* Promedio de lluvia por mes

### 7.1.1 Conclusiones parciales

Se obtuvieron y analizaron 15 muestras de composta durante los años 2013, 2014 y 2015, teniendo mayo frecuencia de muestreo durante el año 2014 y durante la temporada húmeda del año. Los únicos meses en los que se llevó a cabo el muestreo durante los 3 años, fueron marzo, mayo y noviembre. Durante esos meses, la temperatura promedio de los tres años de muestreo, no tuvo diferencias significativas.

## 7.2 Caracterización fisicoquímica de la composta empleada como soporte y fuente de microorganismos

Para hacer la caracterización fisicoquímica, se realizó un muestreo de composta madura durante los años 2013, 2014 y 2015 de acuerdo con lo descrito en la sección de metodología (Tabla 6.1). Todas las muestras se analizaron por triplicado para determinar pH, contenido de humedad, relación C/N, azúcares reductores, tasa de producción de CO<sub>2</sub> y producción total de CO<sub>2</sub>.

Los resultados de los análisis fisicoquímicos se resumen en la **Tabla 7.2**.

**Tabla 7.2** Análisis fisicoquímico de las muestras de composta de la PCBP.

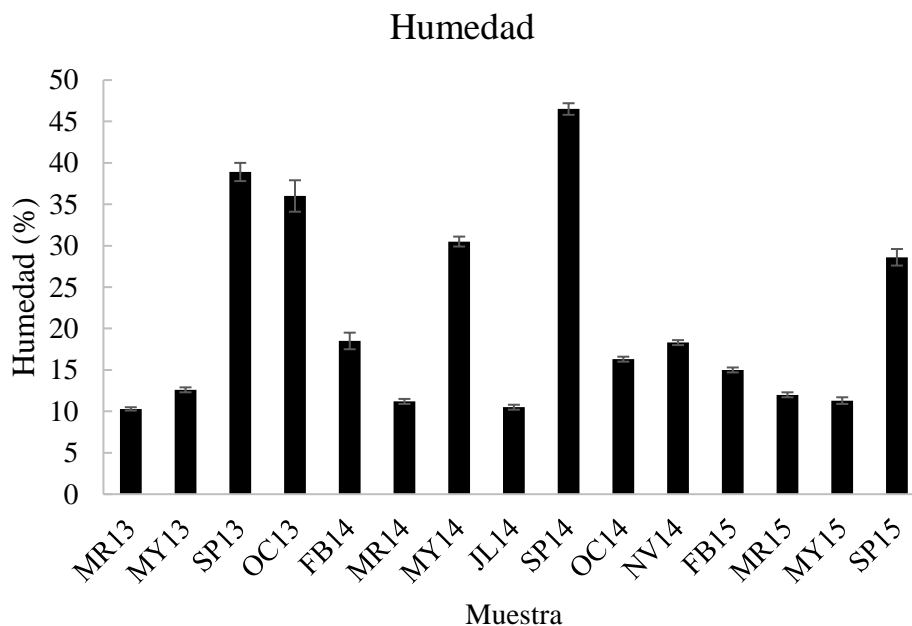
Año	Código	Humedad (%)	pH	Relación C/N	Azúcares reductores (mg g <sup>-1</sup> MSI)	Tasa máxima de producción de CO <sub>2</sub> (mg CO <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> MSI h <sup>-1</sup> )
2013	MR13	10.3 ± 0.2	8.4 ± 0.0	11.3 ± 0.7	7.2 ± 0.3	0.02 ± 0.01
	MY13	12.6 ± 0.3	8.2 ± 0.1	9.5 ± 0.4	4.0 ± 0.2	0.03 ± 0.01
	SP13	38.9 ± 1.1	8.9 ± 0.0	11.7 ± 0.5	1.0 ± 0.2	2.92 ± 0.03
	OC13	36.0 ± 1.9	8.9 ± 0.1	8.5 ± 0.2	0.6 ± 0.1	0.09 ± 0.01
2014	FB14	18.5 ± 1.0	8.7 ± 0.2	9.8 ± 0.4	0.6 ± 0.1	0.51 ± 0.06
	MR14	11.2 ± 0.3	8.4 ± 0.2	9.7 ± 0.3	6.0 ± 0.1	0.05 ± 0.01
	MY14	30.5 ± 0.6	8.8 ± 0.2	8.1 ± 0.1	4.0 ± 0.3	0.02 ± 0.01
	JL14	10.5 ± 0.3	8.9 ± 0.1	8.9 ± 0.1	0.4 ± 0.0	0.02 ± 0.01
	SP14	46.5 ± 0.7	8.4 ± 0.0	13.6 ± 0.5	3.1 ± 0.1	3.48 ± 0.32
	OC14	16.3 ± 0.3	8.5 ± 0.1	9.4 ± 0.9	1.9 ± 0.1	0.01 ± 0.01
	NV14	18.3 ± 0.3	8.5 ± 0.1	9.2 ± 0.2	2.2 ± 0.2	1.20 ± 0.02
2015	FB15	15.0 ± 0.3	8.7 ± 0.0	9.1 ± 0.2	1.0 ± 0.1	0.04 ± 0.01
	MR15	12.0 ± 0.4	8.7 ± 0.2	9.3 ± 0.2	5.9 ± 0.6	0.01 ± 0.01
	MY15	11.3 ± 0.6	8.9 ± 0.0	10.4 ± 0.4	3.5 ± 0.4	0.03 ± 0.01
	SP15	28.6 ± 1.0	8.9 ± 0.1	9.0 ± 0.2	0.6 ± 0.1	1.23 ± 0.02

\* Valores obtenidos después de 48 horas de incubación a 37°C

### 7.2.1 Humedad (%)

Se observa que los valores obtenidos del contenido de humedad (%) para todas las muestras de composta se encuentran entre  $10.3 \% \pm 0.2$  y  $46.5 \% \pm 0.7$  con variaciones significativas a través de los diferentes meses del año (**Figura 7.3**). Las muestras de marzo, mayo y junio de los tres años de muestreo, con excepción de MY14 mostraron contenidos de humedad menores con respecto a las demás muestras, mientras que todas las muestras del mes de septiembre fueron las que tuvieron un contenido mayor de humedad lo que coincidió con las precipitaciones pluviales reportadas en la CDMX para ese mes (**Tabla 7.1**).

De acuerdo con la NADF-020-AMBT-2011, si el contenido de humedad de la composta se encuentra entre 25 y 45 % en peso (**Figura 7.3**), se puede considerar como un producto estable y de buena calidad (SEMARNAT, 2012). Basado en este parámetro, se puede concluir que todas las muestras analizadas corresponden a composta estable y con buena calidad.

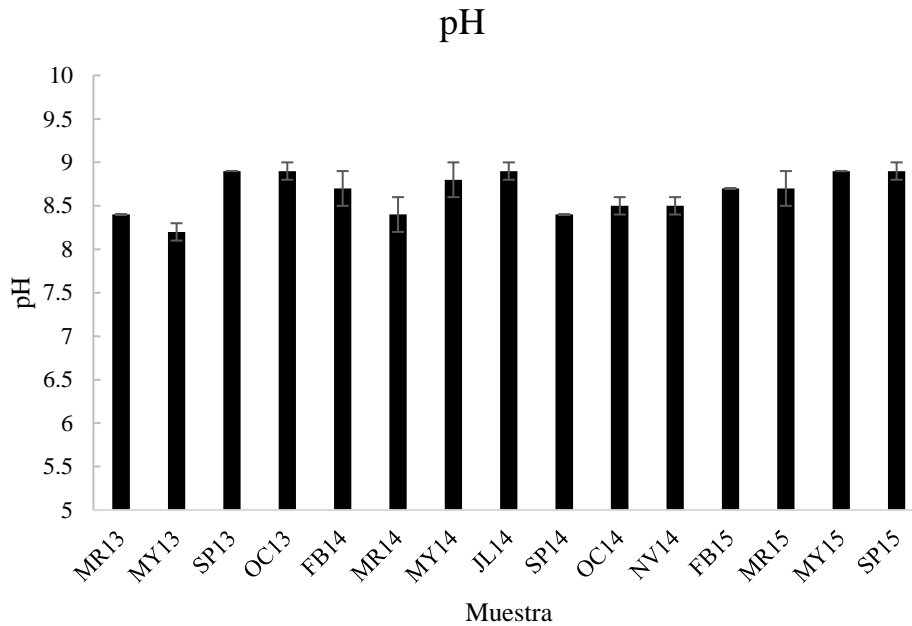


**Figura 7.3** Contenido de humedad (%) de las muestras de composta.

### 7.2.2 Análisis de pH

Los valores de pH medidos en todas las muestras, se encontraron entre 8 y 9 (**Figura 7.4**), sugiriendo que todas las muestras se obtuvieron de pilas que se encontraban en estados avanzados de cura o de estabilización (Barrena et al., 2009; Kumar Singh et al., 2009; Rastogi et al., 2020),

lo cual es un indicador de que la composta se encuentra madura debido que la volatilización de amoníaco en la composta, eleva el pH a valores mayores que 7.5 (Bernal et al., 2009). Además, de acuerdo con diversos autores, frecuentemente el pH se utiliza como indicador de los cambios químicos que ocurren durante el proceso de compostaje, lo cual contribuye al seguimiento de la madurez (Jiang et al., 2018; Karak et al., 2015).

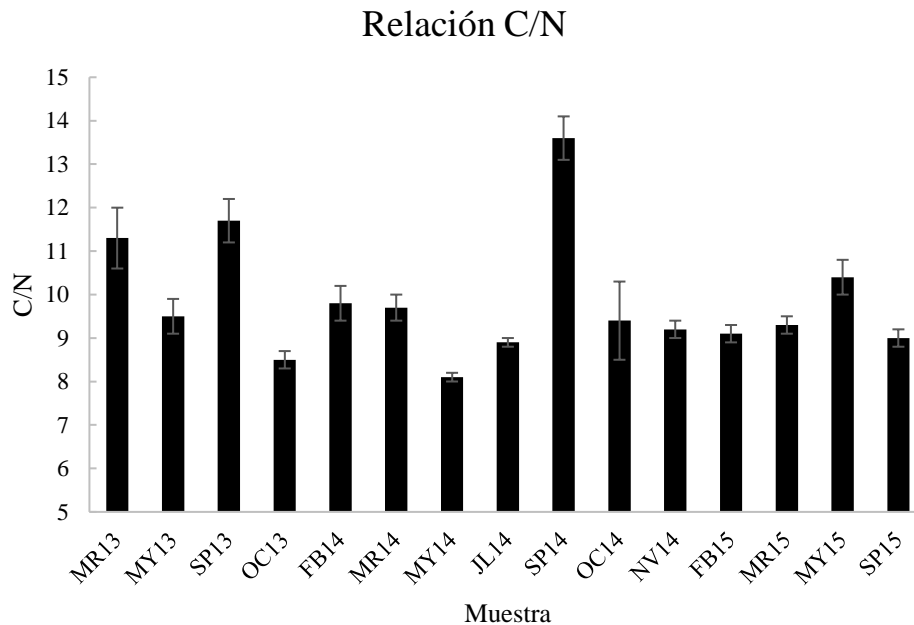


**Figura 7.4** Variación del pH en los meses de muestreo de composta en la PCBP.

### 7.2.3 Relación C/N

De acuerdo con los ensayos para madurez reportados por *Test Methods for the Examination of Composting and Compost* (Methods, Resources, & Bulletin, n.d.), la relación C/N para composta madura debe ser menor o igual a 25, e incluso algunos autores señalan que sea menor que 20. La relación C/N encontrada en cada una de las muestras, fue menor que 12, con excepción de la composta SP14 que tuvo un valor de  $13.6 \pm 0.5$  (**Figura 7.5**). Estos resultados sugieren que la materia orgánica de las pilas muestreadas se encontró ya madura de acuerdo con lo citado por algunos autores (Guo et al., 2012; Sethi et al., 2023; Y. Xiao et al., 2009) y con la NADF-020-AMBT-2011 (SEMARNAT, 2012).





**Figura 7.5** Relación C/N de las muestras de composta producida por la PCBP analizadas durante los años 2013 y 2014.

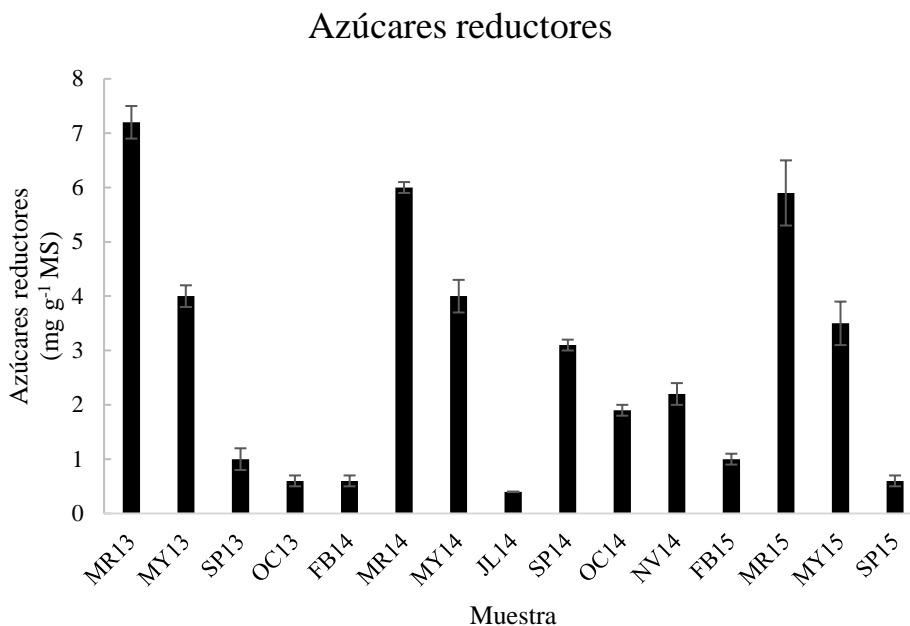
#### 7.2.4 Azúcares reductores solubles

La concentración de azúcares reductores solubles (AR) mostró variaciones significativas entre todas las muestras obtenidas independientemente del mes de muestreo (**Figura 7.6**). Las muestras obtenidas del mes de marzo durante los tres años, fueron las que mostraron la mayor cantidad de azúcares reductores, seguidas por las muestras del mes de mayo, que a su vez corresponden a la primavera, temporada en la que la mayoría de los residuos encontrados en la PCBP provienen de frutas de temporada con altos contenidos en azúcares.

#### 7.2.5 Análisis respirométrico

De acuerdo con la NADF-020-AMBT-2011 (SEMARNAT, 2012) que regula la producción de composta en la CDMX, los valores que describen el pH, la relación C/N y la tasa de producción de CO<sub>2</sub> que en las muestras estudiadas mostraron valores entre  $0.01 \pm 0.001$  y  $3.48 \pm 0.32$  mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI h<sup>-1</sup> (**Figura 7.7**) estuvieron dentro de los límites establecidos para considerarse como producto estable (Bożym & Siemiątkowski, 2018) para poder utilizarse de acuerdo con cualquiera de las clasificaciones A, B y C descritas en la NADF-020-AMBT-2011(**Tabla 7.3**) y de acuerdo con US Composting Council (2023). Adicionalmente, no existió diferencia significativa entre las

muestras de composta de la PCBP, por lo tanto, las modificaciones que hubo en la PCBP durante el año 2014, no tuvieron efecto significativo sobre el proceso de compostaje.

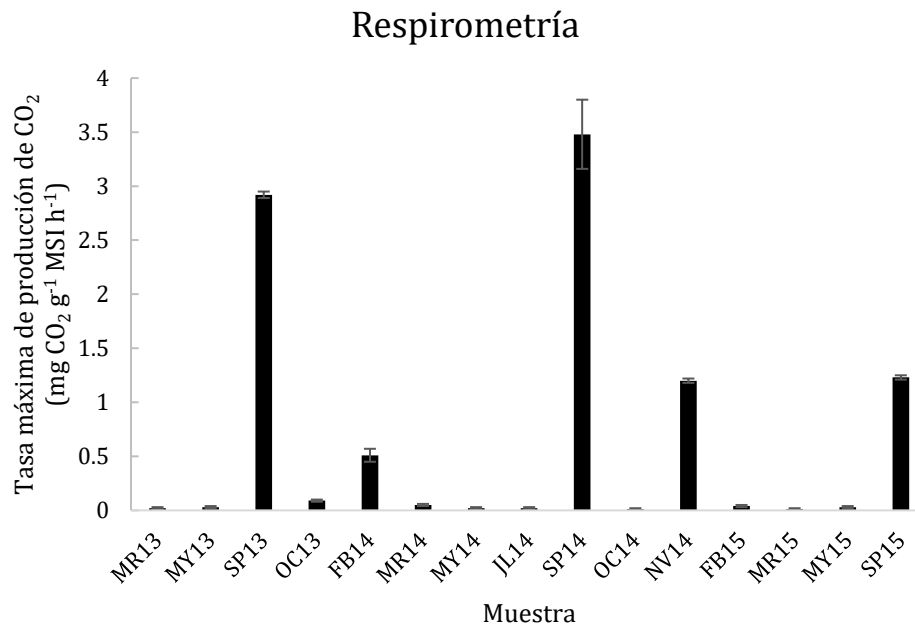


**Figura 7.6** Análisis de azúcares reductores en las muestras de composta de la PCBP.

En la **Figura 7.7** se puede observar que las tres muestras que se obtuvieron en septiembre, son las que tuvieron una mayor tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub>, hecho que se relaciona con la humedad (%), que de igual manera, para esas tres muestras, fue mayor con respecto a las demás; esto puede ser explicado con el hecho de que una humedad adecuada, promueve una mejor difusión de O<sub>2</sub> y el transporte de nutrientes, favoreciendo el metabolismo microbiano y la liberación de CO<sub>2</sub>, impactando directamente las mediciones de CO<sub>2</sub> y O<sub>2</sub> durante los procesos de fermentación sólida (Silva et al., 2024).

Por otro lado, existen diversos estudios que analizan y evalúan diferentes métodos para la determinación de la madurez y la estabilidad de la composta sin tener a bien definir exactamente qué parámetros deben emplearse para determinar esta condición (Azim et al., 2018; Fourti, 2013). Azim et al. (2018) proponen una división en tres categorías, dependiendo del estado del proceso. La primera categoría corresponde a los parámetros de inicio como la relación C/N, contenido de humedad, porosidad y tamaño de partícula. La segunda categoría corresponde a los parámetros

medidos durante el monitoreo como temperatura de la pila, consumo de oxígeno, producción de CO<sub>2</sub>, actividades enzimáticas y carbono orgánico. La tercera categoría evalúa la calidad del producto final usando parámetros como la relación C/N, las sustancias húmicas, la conductividad eléctrica (CEC) y la salinidad.



**Figura 7.7** Análisis respirométrico de las muestras de composta de la PCBP.

La estabilidad y madurez de la composta, son importantes para lograr determinar la calidad de la composta y para tener certeza de que su aplicación en el suelo es segura. Como se mencionó anteriormente, estos parámetros son evaluados utilizando una combinación de indicadores físicos, químicos y biológicos, ya que un solo análisis no puede determinar con precisión ambos aspectos simultáneamente, además, se sabe que la estabilidad y la madurez son interdependientes, esto quiere decir que están fuertemente relacionadas, pero no son ni intercambiables ni sustituibles, por ejemplo: la composta estable puede no estar madura y la composta madura puede no estar estable; es por ello que ambas deben evaluarse para garantizar un uso seguro de la composta (Cerde et al., 2018; Ejileugha, 2022; Sethi et al., 2023).

**Tabla 7.3** Parámetros establecidos por la NADF-020-AMBT-2011 para composta.

Tipo de composta	A	B	C
Uso	Sustrato en viveros y sustituto de tierra para maceta	Agricultura ecológica y reforestación	Paisaje, áreas verdes urbanas y reforestación
Humedad (% p/p)	25-35	25-35	25-45
pH	6.7 - 7.5	6.5 - 8	6.5 - 8
Relación C/N	< 15	< 20	< 25
Emisión de CO <sub>2</sub> (mg/g MS/h)	< 0.03	0.03 - 0.06	0.061 - 0.12

### 7.2.6 Conclusiones parciales

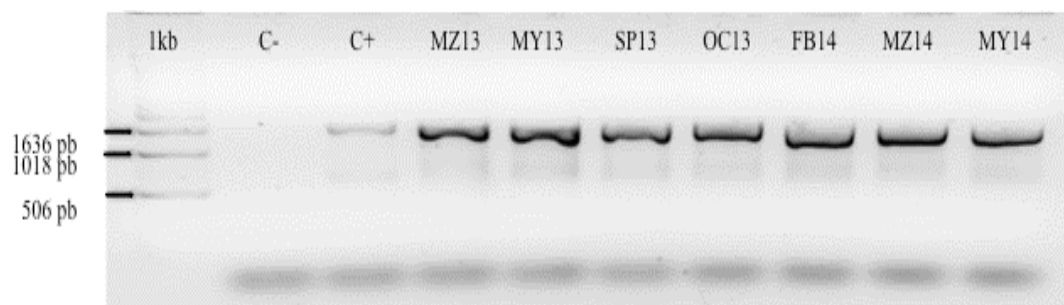
Todas las muestras de composta analizadas en términos de humedad (%), pH, relación C/N, azúcares reductores y tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub>, resultaron ser compostas estables de acuerdo con la normatividad nacional e internacional vigente.

## 7.3 Análisis molecular de las comunidades microbianas de las muestras de composta

Las secuencias de nucleótidos obtenidas en este trabajo se depositaron en el *Bioproject* PRJNA1047156 (número de acceso: KIDT00000000 para 16S rRNA y KIDU00000000 para ITS1) como un proyecto *Targeted Locus Study* en DDBJ/ENA/GenBank.

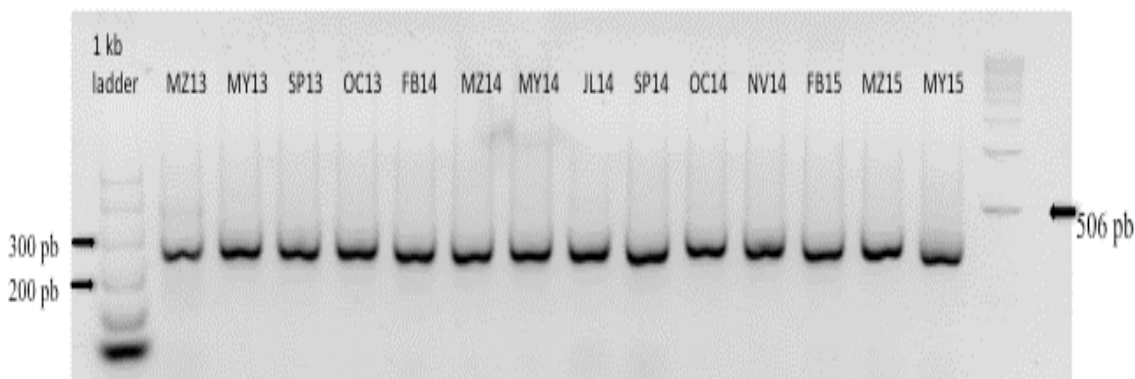
### 7.3.1 Análisis de comunidades bacterianas por PCR-DGGE

De todas las muestras, se obtuvo ADN de alto peso molecular y con relación de absorbancia 260/280 cercana a 1.8 lo que indica que el ADN se encontraba relativamente puro (Wilfinger et al., 1997). La Figura 7.8 muestra la electroforesis en gel de agarosa de los amplicones obtenidos a través de la primera PCR usando los iniciadores bacterianos para el gen 16S rDNA. Se puede observar que los fragmentos tienen una longitud de alrededor de 1500 pb (Hong Sunhee, 2016), lo cual coincide con el tamaño esperado de pares de bases para ese fragmento.



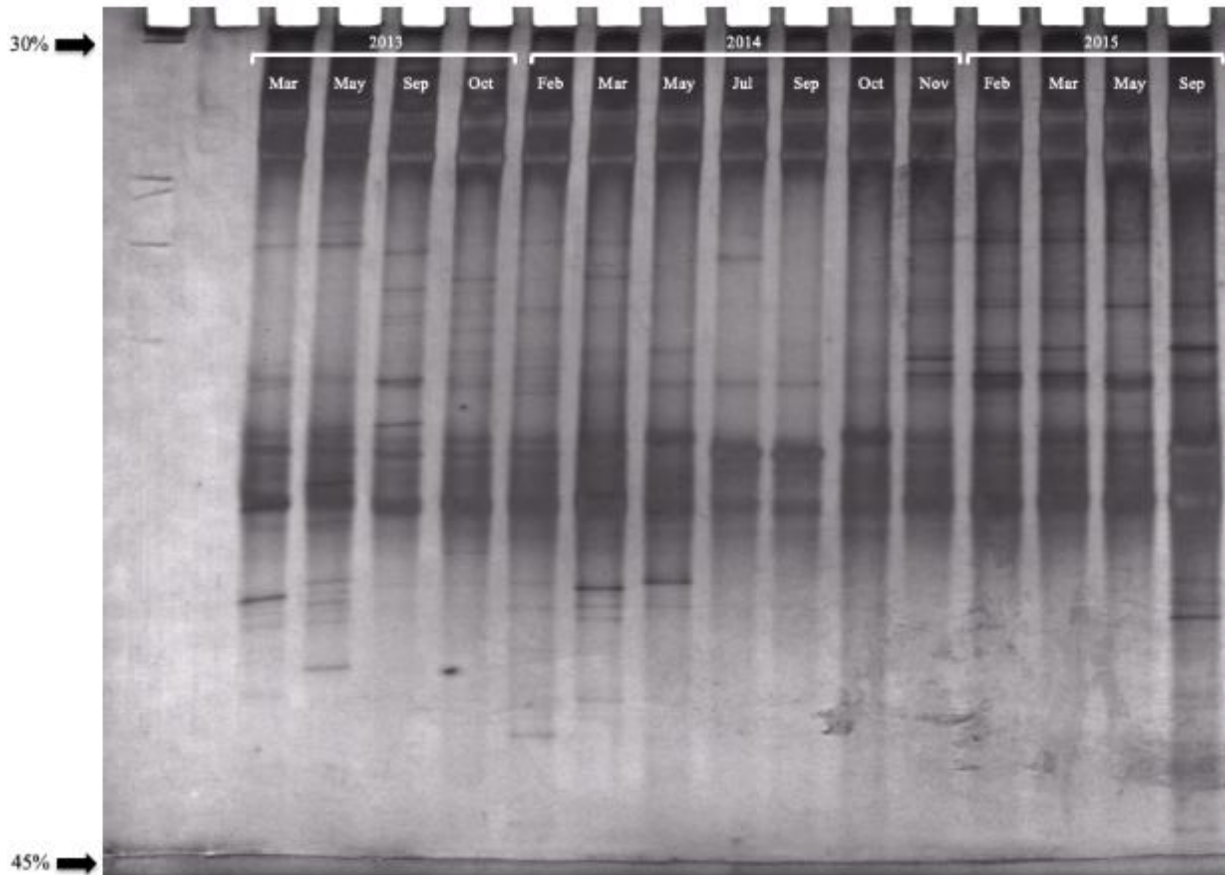
**Figura 7.8.** Electroforesis en gel de agarosa al 1% de los amplicones obtenidos durante la primera PCR con los iniciadores bacterianos. Línea 1: Marcador de peso molecular de 1 kb. 2: Control negativo (C-). 3: Control positivo (C+) (DNA de *Pseudomonas aeruginosa*).

En la Figura 7.9, se muestran los amplicones purificados que se obtuvieron en la nested-PCR. De acuerdo con los iniciadores empleados, los fragmentos de la región V6-V8 tuvieron una longitud aproximada de 300 pb (Piterina & Pembroke, 2013). Los perfiles de bacterias de las diferentes muestras de composta fueron estudiados a partir de las muestras obtenidas durante 3 años.



**Figura 7.9.** Amplicones obtenidos de la amplificación de la región V6-V8 purificados. Electroforesis en gel de agarosa al 1%. Línea 1: Marcador de peso molecular de 1 kb. Línea 16: Marcador de peso molecular para productos de PCR.

Mediante el análisis de imágenes, se obtuvieron 233 bandas totales distribuidas entre las 15 muestras de composta. Se seleccionaron por su nitidez, representatividad en los carriles y facilidad de corte 59 bandas, de las cuales, después de hacer el análisis bioinformático, únicamente se obtuvo información de 36 unidades taxonómicas operacionales (OTU's) que corresponden al 61% de las bandas seleccionadas. Las bandas se seleccionaron con base en su facilidad de corte, su representatividad al estar presentes en la mayoría o en todos los carriles, o al ser bandas únicas y en la intensidad mostrada al revelar el gel como se puede observar en la Figura 7.10.



**Figura 7.10.** Perfil del DGGE obtenido de los amplicones bacterianos de la región V6-V8 purificados con la técnica de PCR-DGGE. Electroforesis en geles de acrilamida. El gradiente fue de 30-45%. Las muestras fueron obtenidas de la PCBP de la Ciudad de México.

Uno de los aspectos más importantes para el estudio del compostaje desde el punto de vista microbiano, es la diversidad de hongos y bacterias que se encuentran distribuidos en diferentes zonas de las pilas durante el proceso y que además juegan un papel muy importante en la degradación de la materia orgánica, por lo que, se ha puesto mucho empeño en el estudio de esos microorganismos para tratar de mejorar y la eficiencia de degradación (Maeda et al., 2010; Rastogi et al., 2020). Para ello, se han realizado estudios en los que se puede ver reflejada esa diversidad en los patrones que se obtienen por DGGE como se muestran en la Figura 7.10. Esa diversidad está limitada en muchas ocasiones por la materia orgánica que sirve como materia prima para la producción de composta y se relaciona con las características fisicoquímicas obtenidas al final del proceso (Francou, 2003; Rastogi et al., 2020).

Las bacterias que se encontraron en las muestras de las compostas estudiadas se encuentran descritas en la Tabla 7.4 en la que con un asterisco se indica las muestras en las que se detectaron cada una de las bacterias y en donde también se muestra el porcentaje de identidad obtenido con respecto a las comparaciones realizadas en la base de datos del NCBI.

**Tabla 7.4** Bacterias identificadas de la PBCP.

Microorganismo	Identidad (%)	Código de muestra														
		MR13	MY13	SP13	OC13	FB14	MR14	MY14	JL14	SP14	OC14	NV14	FB15	MR15	MY15	SP15
<i>Acinetobacter albensis</i> (2)	100	*	*		*	*	*					*	*	*	*	
<i>Acinetobacter equi</i> (2)	> 98.7	*	*	*	*	*	*									*
<i>Acinetobacter johnsonii</i> (12)	> 99.4	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Acinetobacter</i> sp. (12)	> 96.6	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Bacillus benzovorans</i>	99	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Bacillus</i> sp.	95.7	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Cutibacterium</i> sp.	97.7	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Porticoccus</i> sp.	96	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Pseudomonas</i> sp.	98.2	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Saccharopolyspora</i> sp.	97.1	*	*					*	*							
<i>Variovorax</i> sp.	95.1			*	*	*	*					*	*	*	*	*
<i>Xanthomonas</i> sp.	96	*														

Los asteriscos (\*) indican las muestras en las que las bacterias fueron detectadas. El porcentaje de identidad es expresado en comparación con la base de datos del NCBI.

Algunas de las secuencias analizadas, resultaron con un porcentaje de identidad por encima del 98%, por lo que se les pudo asignar especie, mientras que, para otros casos, únicamente se pudo determinar el género. Casi todas las muestras de composta tuvieron la misma diversidad, con excepción de las muestras obtenidas durante el año 2014, en las que se nota una clara disminución en el número de bacterias presentes, lo cual se puede correlacionar con las perturbaciones que ocurrieron durante ese tiempo en la PCBP y que, de alguna manera, se vieron reflejadas en el estudio de la diversidad. De igual manera en la Tabla 7.4, la bacteria *Acinetobacter equi*, estuvo presente en las muestras que van desde MR13 hasta MR14, no siendo detectable sino hasta el último tiempo de muestreo. Otras bacterias identificadas tuvieron una presencia intermitente como *Acinetobacter albensis* fue encontrada en 9 de 15 muestras; *Saccharopolyspora erythraea* (anteriormente conocida como *Streptomyces erythraeus*) que tiene una aplicación industrial en la

producción de eritromicina y que frecuentemente se ha encontrado en suelo (Saygin et al., 2021a; J. Wu et al., 2011) y *Variovorax* sp. que en su genoma tiene la información necesaria para utilizar la octopina, compuesto químico, que se relaciona con la formación de tumores en las raíces de algunas plantas (Han et al., 2016) y con la degradación de ftalatos, que son compuestos químicos que se adicionan a los plásticos para aumentar su flexibilidad (Prasad & Suresh, 2012), aspecto que puede relacionarse con la presencia de plásticos de diferentes tipos, que se encuentran mezclados con la materia orgánica que se va a someter al compostaje debido a que durante la separación de los residuos municipales que se llevan a la PCBP, no se retiran las bolsas plásticas en las que se han depositado los RSO. Se puede observar, que 7 de las 12 bacterias identificadas (*Acinetobacter johnsonii*, *Bacillus benzoovorans*, *Acinetobacter* sp., *Bacillus* sp., *Cutibacterium* sp., *Porticoccus* sp. y *Pseudomonas* sp.) se encontraron en todas las muestras de composta, lo cual puede sugerir que esas bacterias se encuentran muy bien adaptadas y establecidas en el ecosistema que comprende la PCBP y que además tienen un rol muy importante en alguna de las fases de la degradación de la materia orgánica, ya que su presencia ha sido reportada en compostas provenientes de diversos materiales (Aydin et al., 2015; Bouhia et al., 2022; Horisawa et al., 2008; Partanen et al., 2010; Sobiecka et al., 2009; Sundberg et al., 2011; Zhang et al., 2014) lo cual puede atribuirse a que los microorganismos encontrados tienen la capacidad de producir enzimas hidrolíticas como hemicelulasas, celulasas, proteasas y lipasas (Tabla 7.5) que están estrechamente relacionadas con la degradación de la materia orgánica. Dentro de estas bacterias, *Acinetobacter equi* fue encontrada en todas las muestras presentes entre marzo 2013 y marzo 2014 siendo identificada de nuevo hasta el mes de septiembre de 2015. *Acinetobacter* spp. merece especial atención, ya que se ha aislado de diferentes muestras de composta (Sundberg et al., 2011) y se ha reportado como una bacteria que es capaz de degradar aceites y como coadyuvante en la biorremediación de suelos contaminados por los mismos (Van Gestel et al., 2003), también, es capaz de degradar parcialmente oligómeros de polietileno de bajo peso molecular, material precursor de plásticos, además, es un género dentro del phylum Proteobacteria y es frecuentemente encontrado durante el proceso de compostaje, especialmente durante la fase inicial y la fase mesofílica debido a que juega un papel importante en la descomposición de la materia orgánica, lo cual contribuye en la hidrólisis y acidificación produciendo ácidos orgánicos que influyen en el pH de la composta, la liberación de nutrientes, y en el metabolismo del nitrógeno y el carbono (Fang et al., 2024; H. Li et al., 2024; Q. Liu et al., 2024; J. Wu et al., 2021). Adicionalmente, este



género fue identificado en una cantidad considerable de OTU's seleccionados, 27 en total, hecho que puede describirse cuando al hacerse una identificación por medio del 16S rDNA, el número de copias del operón ribosómico por genoma bacteriano, puede variar intragenómicamente de 1 a 15 copias, manteniéndose relativamente constante a nivel de especie, género e incluso familia, siendo de 7 copias para el caso de *Acinetobacter* sp. (Rodicio and Mendoza, 2004), por lo cual, al diferir las copias en su secuencia, se pueden detectar como si fueran OTU's diferentes distribuidos a lo largo de los carriles.

**Tabla 7.5** Principales características de las bacterias identificadas en la PCBP.

Microorganismo	Origen y producción de enzimas	Referencias
<i>Acinetobacter albensis</i>	Aislado de cuerpos de agua, leche cruda, superficies de peces almacenados y comúnmente se encuentra en el suelo. Produce proteasas.	Al Atrouni et al., 2016; Kaszab et al., 2021; Krizova et al., 2015; L. Liang et al., 2022
<i>Acinetobacter equi</i>	Heces de caballo y suelo. Bacterias capaces de reducir nitratos, utilizando L-arabinosa, caproato, malato, citrato y productora de ácidos orgánicos a partir de D-glucosa.	Al Atrouni et al., 2016; Poppel et al., 2016
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	Aislado de lodos activados, cuerpos de agua, peces almacenados, aguas residuales, suelos contaminados con pesticidas, alimentos y composta.	Al Atrouni et al., 2016; Kaszab et al., 2021
<i>Acinetobacter</i> spp.	Agua, suelo, carne, pescado, camarones, sedimentos, néctar de plantas, animales, granjas, plantas de biogás, digestores aeróbicos y suelos contaminados con aceites.	Al Atrouni et al., 2016; Pulami et al., 2023
<i>Bacillus benzoevorans</i>	Aislado de suelos, vertederos. Degradación de compuestos fenólicos. Enzimas hemicelulasas, lacasas, amonio y enzimas reductoras de sulfato.	Madani et al., 2021
<i>Bacillus</i> sp.	Aislado del suelo, agua, material vegetal en descomposición, ambientes industriales y extremos. Se utiliza en inóculo para la degradación de la materia orgánica vegetal. Degradador de herbicidas. Produce $\alpha$ -amilasas, proteasas alcalinas, lipasas, celulasas.	Qian et al., 2023; G. Zhao et al., 2023
<i>Cutibacterium</i> sp.	Presente en la rizosfera de suelos sanos. La presencia de hongos fitopatógenos estimula su presencia en suelos enfermos.	T. Lin et al., 2023

**Tabla 7.6** Principales características de las bacterias identificadas en la PCBP (continuación).

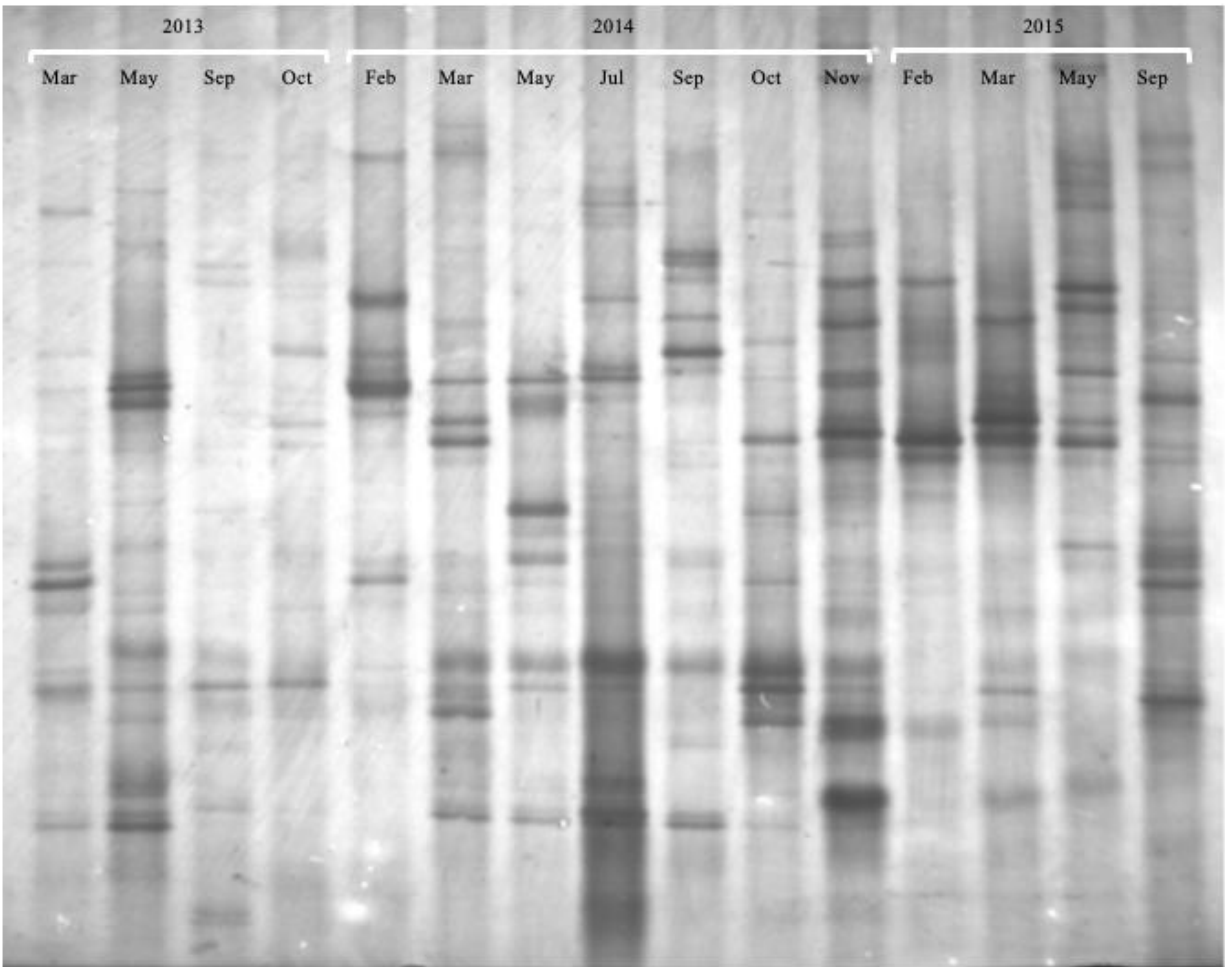
<i>Porticoccus</i> sp.	Se encuentra en los sedimentos de los manglares. Microorganismo degradador de fenantreno e hidrocarburos.	Gao et al., 2022; Tiralerdpanich et al., 2021
<i>Pseudomonas</i> sp.	Degradación de hidrocarburos aromáticos, fenoles, rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR), biocontrol, patógenos vegetales y animales, aislados de suelo y composta. Produce celulasas y lipasas.	Azhdarpoor et al., 2014
<i>Saccharopolyspora</i> sp.	Aislado del suelo. Algunas especies pueden degradar polímeros complejos como el almidón y el xilano. Producción de antibióticos.	Oliyntyk et al., 2007; Saygin et al., 2021b
<i>Variovorax</i> sp.	Aislado del suelo. Capaz de degradar ftalatos, ácido poliláctico, polihidroxialcanoatos. Produce celulasas, proteasas.	Han et al., 2016; Prasad & Suresh, 2012
<i>Xanthomonas</i> sp.	Patógeno de plantas, aislados del suelo, aislados del intestino de los insectos. Degradación y bioconversión de poliuretano (poliacrílico, poliéster y poliéter).	Kim et al., 2022; Rahman et al., 2014

Al hacer la comparación de los microorganismos que se encontraron en una investigación realizada por Bravo et al. (2019) en la que hicieron el análisis molecular de lixiviados de la PCBP para identificar la diversidad microbiana presente, se observaron coincidencias, ya que se detectaron bacterias de los géneros *Acinetobacter* spp., *Bacillus* sp., y *Pseudomonas* spp., tanto en los lixiviados como en la composta. Estas coincidencias sugieren que independientemente de la muestra, los RSO que se tratan en la PCBP contienen comunidades microbianas similares y que además, estas comunidades se encuentran adaptadas a la degradación de la FORSU respaldando el uso de composta y de lixiviados como consorcios microbianos al contener una comunidad microbiana activa y diversa que es capaz de contribuir con la transformación de residuos orgánicos.

### 7.3.2 Análisis de comunidades fúngicas por PCR-DGGE

La Figura 7.11 muestra los perfiles de DGGE obtenidos para cada una de las muestras de composta estudiadas, en total se seleccionaron por su nitidez, representatividad en bandas y facilidad de corte 52 OTU's de un total de 250 bandas identificadas por el programa GelQuant. De esos 52 OTU's, se identificaron 24, pero hubo algunos OTU's que brindaron la misma información debido a que

la técnica de DGGE detecta mutaciones que pueden resultar en cambios en la posición de las bandas detectadas en comparación con los tipos silvestres (Strathdee & Free, 2013).



**Figura 7.11** Perfiles de DGGE obtenidos de los amplicones fúngicos de la región ITS1 purificado a partir de la técnica de PCR-DGGE. Electroforesis en gel de acrilamida. El gradiente fue de 30-55 %. Las muestras de composta fueron obtenidas de la PCBP.

En la Tabla 7.7 se encuentran descritos los hongos identificados en cada una de las muestras de composta incluyendo la identidad (%) para cada una de las secuencias analizadas. De igual manera que en el análisis de las bacterias, hubo hongos a los que se les pudo asignar especie, teniendo un porcentaje de identidad por encima del 98.5 %, mientras que, para los que tuvieron valores por debajo de ese valor, únicamente se les asignó género.

De esa lista de hongos, solamente 3 fueron detectados en todas las muestras (*Botryotrichum* sp., *Metharhizium anisopliae* y *Peniophora* sp.). *Botryotrichum* sp. ha sido identificado en muestras

de lixiviados de vermicomposta, ambientes que se caracterizan por valores de pH alcalinos; este género es capaz de degradar materia orgánica compleja, especialmente en ambientes alcalinos cuya aplicación potencial estaría basado en la gestión de residuos orgánicos en suelos o ambientes alcalinos (Serrano-Ramírez et al., 2025). En el caso de *Metharhizium anisopliae*, se ha demostrado que se encuentra de forma natural en suelo colonizando las raíces de plantas actuando como biofertilizante y como agente entomopatógeno recientemente utilizado como agente de control biológico contra coleópteros y lepidópteros (Ahmad et al., 2025; Luan et al., 2025), adicionalmente, este hongo es capaz de crecer de manera saprófita en el suelo, lo que significa que puede vivir en materia orgánica en descomposición, como la que se encuentra en la matriz del compostaje (Barelli et al., 2016). *Peniophora* sp. es un género con hongos reconocidos por ocasionar la podredumbre blanca y por su gran capacidad de degradar lignocelulosa y producir enzimas como lacasas, lignoperoxidasas y ha surgido como un hongo con bastante potencial debido a su capacidad para degradar hidrocarburos aromáticos policíclicos y contaminantes como ftalatos, colorante negro reactivo 5 y pentaclorofenol (C. Li et al., 2025). Algunas especies de este género han sido aisladas de hojarasca forestal en degradación, además, se han reportado estudios en los que se ha inoculado a *Peniophora crassitunicata* en materia orgánica que se sometió a un proceso de compostaje aerobio con la finalidad de mejorar la eficiencia del proceso (Zhan et al., 2025).

Todos los demás hongos mostraron intermitencia, algunos siendo detectados en tres tiempos de muestreo consecutivo y en uno no, como sucedió con *Aspergillus niger*, y *Thermomyces dupontii* que aparecen en las mismas muestras. *Preussia* sp. no fue detectado en las muestras iniciales, fue observado por primera vez en la muestra NV14 y después de esto, su presencia fue consistente en las muestras subsecuentes, su aparición pudo haber estado relacionada con la modernización y la estandarización del proceso de compostaje que ocurrió en el año 2014. En las tres muestras colectadas durante el mes de marzo, se detectaron los siguientes hongos: *Aspergillus flavus*, *Botryotrichum* sp., *Metharhizium anisopliae*, *Peniophora* sp., y *Scopulariopsis* sp., lo que indica que algunos de los hongos identificados son persistentes conforme pasa el tiempo.

En la Tabla 7.8, se encuentra descritas las características principales de los hongos que fueron identificados, en lo que respecta al origen, se ha citado en reportes previos, que la mayoría de estos hongos, se han encontrado en suelo como parte del ecosistema o como endófitos de plantas, pero

algunos otros se han reportado como patógenos de especies vegetales como *Aspergillus flavus*, *Exophiala* sp., *Fusarium* sp. y *Scopulariopsis* sp.

Todos los hongos identificados en este estudio, han sido ampliamente estudiados como productores de enzimas hidrolíticas extracelulares que se han relacionado con la degradación de materia orgánica al encontrarse en sitios en los que la materia orgánica es abundante y puede ser utilizada como principal fuente de carbono y nitrógeno, además, algunos hongos identificados en las muestras de composta como *Aspergillus niger*, *Diutina rugosa* y *Thermomyces dupontii* merecen atención debido a que han sido ampliamente estudiados y se ha demostrado que poseen un gran potencial biotecnológico para su uso en diversos sectores industriales (C. Lin et al., 2022; Singer et al., 2005).

**Tabla 7.7** Hongos identificados en cada una de las muestras obtenidas de la PCPB

Microorganismo	Identidad (%)	Muestra														
		MR13	MY13	SP13	OC13	FB14	MR14	MY14	JL14	SP14	OC14	NV14	FB15	MR15	MY15	SP15
<i>Aspergillus flavus</i> (3)	> 98.8	*		*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Aspergillus niger</i> (1)	100	*	*	*		*	*	*		*	*	*	*			*
<i>Botryotrichum</i> sp. (3)	> 97.6	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Diutina rugosa</i> (3)	> 98.5	*		*						*	*		*	*	*	
<i>Exophiala</i> sp.	95.2			*			*			*			*	*		*
<i>Exserohilum rostratum</i>	98.4			*								*	*		*	
<i>Fusarium</i> sp.	100	*			*	*				*						
<i>Gymnascella aurantiaca</i>	97.8		*				*	*	*						*	
<i>Metarhizium anisopliae</i>	100	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Peniophora</i> sp. (3)	>98.4	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Pichia kudriavzevii</i>	99.4	*		*						*	*					*
<i>Preussia</i> sp.	95.2											*	*	*	*	*
<i>Scopulariopsis</i> sp.	97.9	*	*	*	*	*	*			*		*	*	*	*	*
<i>Thermomyces dupontii</i> (2)	> 98.8	*	*	*		*	*	*		*	*	*	*			*
<i>Thermomyces</i> sp.	98.2		*				*	*	*						*	

Un asterisco (\*) indica las muestras en las que los hongos fueron detectados. El porcentaje de identidad es expresado a partir de la comparación de las secuencias analizadas en la base de datos del NCBI.

*Aspergillus niger*, es un hongo que ha sido ampliamente encontrado en suelo, composta y en restos de plantas. Su presencia en composta, es común debido a su habilidad para degradar materia orgánica y por su participación en los ciclos biogeoquímicos de la naturaleza al excretar enzimas

degradadoras de materia orgánica (Fransiska et al., 2024; Greff et al., 2022; Tolouee et al., 2010) especialmente celulasas, propiedad que es aprovechada mediante su inoculación durante la fase inicial contribuyendo a la degradación de la materia orgánica, hecho que se refleja en la disminución del tiempo de estabilización mejorando la calidad de la composta final además de que algunas cepas de *A. niger* han demostrado efectos antagonistas contra fitopatógenos de plantas lo que soporta su uso como agente de biocontrol (Greff et al., 2022; Martín-Gil et al., 2008).

**Tabla 7.8** Principales características de los hongos identificados en la PCBP en este estudio.

Microorganismo	Origen y producción de enzimas	Referencias
<i>Aspergillus flavus</i>	Aislado del suelo. Patógeno de plantas. Produce aflatoxinas, poligalacturonasas, lacasas y xilanasas.	de Alencar Guimaraes et al., 2013
<i>Aspergillus niger</i>	Hongo del suelo utilizado en la producción de biocombustibles de segunda generación. Hemicelulasas, pectinasas y xilanasas.	Gomes et al., 2011
<i>Botryotrichum sp.</i>	Aislada de composta de estiércol de cerdo, contribuye a la pasivación de metales pesados. Produce celulasas. Síntesis de antibióticos en compostas.	R. Wu et al., 2022; B. Zhao et al., 2023
<i>Diutina rugosa</i>	Producción e inmovilización de lipasas; aislado del suelo y de las cavidades bucales.	Barton, 2011
<i>Exophiala sp.</i>	Ambientes acuáticos, patógeno de plantas y animales acuáticos. Quitinasas y queratinasas.	do Nascimento et al., 2016
<i>Exserohilum rostratum</i>	Endófito de las orquídeas, causante de micosis en humanos.	Chua et al., 2022
<i>Fusarium sp.</i>	Aislado de plantas y suelo, patógenos de plantas y endófitos. Celulasas y hemicelulasas.	Chua et al., 2022; Kashiwa et al., 2017
<i>Gymnascella aurantiaca</i>	Aislado del suelo. Producción de queratinasas.	Scott & Untereiner, 2004
<i>Metarhizium anisopliae</i>	Entomopatógeno de las plantas, que se encuentra en el suelo. Produce lipasas, hemicelulasas.	Aw & Hue, 2017

**Tabla 7.9** Principales características de los hongos identificados en la PCBP en este estudio (continuación).

<i>Peniophora sp.</i>	Aislado de la madera, patógeno de plantas. Produce hemicelulasas, celulasas.	Lee et al., 2015
<i>Pichia kudriavzevii</i>	Levadura aislada de frutos fermentados. Se utiliza para la producción de bioetanol de segunda generación.	Hoppert et al., 2022
<i>Preussia sp.</i>	Presente en el suelo, activador de la variación de nitrógeno dentro del compost de estiércol de vaca. Productor de fitohormonas, fosfatasas y glucosidasas.	Khan et al., 2016; Sun et al., 2022

<i>Scopulariopsis sp.</i>	Suelo, material vegetal e insectos; campos de cultivo de trigo y suelo, patógeno de plantas. Produce celulasas, queratinasas y quitinasas.	Sharaf & Khalil, 2011; Skóra et al., 2014
<i>Thermomyces dupontii</i>	Suelo, composta, patógeno de plantas. Produce quitinasas, glucosidasas y xilanasas.	Nisar et al., 2022
<i>Thermomyces sp.</i>	Suelo; Producción de xilanasas, hemicelulasas, enzimas lipasas.	Sun et al., 2022

La fase termófila es crucial para la rápida degradación de la materia orgánica y la formación de ácidos húmicos, A diferencia de los sistemas de tratamiento biológico como los lodos activados o la desulfuración biológica, en los que al llegar a temperaturas máximas de tolerancia de los microorganismos presentes la desnaturalización de macromoléculas como ácidos nucleicos y proteínas conduce a una rápida muerte microbiana, en el compostaje ocurre que los microorganismos experimentan una rápida sucesión en un periodo corto de tiempo. En un estudio realizado por Zhu et al. (2024), demostró que los hongos desempeñan un rol muy importante en el mantenimiento de las redes microbianas y aceleran la mineralización y la formación de sustancias húmicas durante la fase termófila del compostaje, ya que la estabilidad de la comunidad fúngica fue 1.26 mayor que la de la comunidad bacteriana presente. Estos hallazgos son importantes debido a que las interacciones entre dominios (bacterias-hongos) logran aumentar la complejidad de la red microbiana contribuyendo al mantenimiento de las funciones ecológicas del sistema y se relacionan con el análisis de las comunidades fúngicas y microbianas de este estudio debido principalmente a que los hongos filamentosos muestran resiliencia para afrontar los cambios ambientales, hecho que puede mejorar la estabilidad de las comunidades bacterianas (Zhu et al., 2024), aunado a eso, cada vez hay más evidencia que demuestra que los hongos tienen la capacidad de reestructurar comunidades bacterianas mediante la competencia directa por recursos o la producción de metabolitos secundarios (Whiteside et al., 2019).

En los últimos años, se han desarrollado nuevas tecnologías para sustituir pesticidas químicos que no dañen al ambiente. Debido a ello, ha surgido pesticidas microbianos que son productos biotecnológicos que emplean microorganismos vivos o sus metabolitos como componentes activos. Como ejemplo del avance biotecnológico, en el año 2024, la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO por sus siglas en inglés), publicó en conjunto con la Organización Mundial de la Salud (WHO por sus siglas en inglés), el Manual sobre el

desarrollo y uso de especificaciones para plaguicidas microbianos que describe protocolos estandarizados para el desarrollo de plaguicidas microbianos (FAO, 2024). Estos productos ofrecen beneficios como menores impactos ambientales debido a su biodegradabilidad, menos acumulación de residuos en los cultivos, mínima perturbación del ecosistema, mayor bioseguridad y compatibilidad ambiental (Barelli et al., 2016; Luan et al., 2025).

### **7.3.3 Conclusiones parciales**

Todas las muestras analizadas, cumplieron con los parámetros indicados para calificarse como compostas estables de acuerdo con la normatividad nacional.

El rediseño del proceso de compostaje de la PCBP no modificó de manera significativa las propiedades fisicoquímicas, las propiedades de estabilidad ni la diversidad microbiana de la composta que se produce.

De las 15 muestras de composta, se seleccionaron y se analizaron un total de 111 OTU's de las cuales se pudieron identificar 10 bacterias y 21 hongos, lo que sugiere que existió una mayor diversidad fúngica en comparación de la bacteriana en la composta de la PCBP.

Se pudieron identificar un total de 8 microorganismos (*Acinetobacter* sp., *Bacillus* sp., *Bacillus benzoovorans*, *Propionibacterium acnes*, *Pseudomonas* sp., *Chaetomium murorum*, *Metarhizium* sp. y *Peniophora incarnata*) que estuvieron presentes en todas las muestras obtenidas de la PCBP, lo que es indicador de que esos microorganismos están ampliamente distribuidos en ese ecosistema y que hacer sinergia con otros microorganismos para completar el proceso de compostaje.

Todos los microorganismos identificados, poseen actividades enzimáticas relacionadas con la degradación de la materia orgánica.

## **7.4 Determinación de las condiciones óptimas de la digestión aerobia de residuos orgánicos vegetales**

En un estudio previo realizado por el grupo de trabajo, se estableció que el aumento en la proporción del consorcio microbiano del 5 al 8% en una mezcla de RSO (MSA), que se somete al proceso de degradación, permite alcanzar mayores tasas de producción de CO<sub>2</sub> por lo que se decidió emplear dicha proporción en los ensayos posteriores. El análisis elemental de CHN indicó que la relación C/N de la mezcla MSA no es la adecuada al tener valores cercanos a 20 (Tabla 7.10), por lo cual se propuso aumentar dicha relación a valores de 30 empleando algún agente de



volumen. Tomando en cuenta el análisis de CHN que se hizo a diferentes materiales (datos no mostrados), se decidió adicionar aserrín, el cual tiene una relación C/N individual de 292 que servirá como agente de volumen y como componente para ajustar la relación C/N a un valor cercano a 30.

Se obtuvieron muestras de diferentes agentes de volumen y con esa información se diseñaron las mezclas MSA, MSC y MC (Tabla 7.10), al mismo tiempo que se probó la adición de composta como consorcio microbiano.

**Tabla 7.10** Composición y relación C/N inicial de las mezclas de RSO.

Material	C/N	%	MSA		MSC		MC	
			Contribución a la relación C/N en la mezcla	%	Contribución a la relación C/N en la mezcla	%	Contribución a la relación C/N en la mezcla	%
RSO	14.4	81	11.70	91	13.14	83	11.99	
Poda y tala	13.6	8	1.09	2	0.27	2	0.27	
Papel	190	3	5.70	3	5.70	3	5.70	
Aserrín 1	292	-	-	4	11.68	4	11.68	
Composta	12	8	0.96	-	-	8	0.96	
C/N final en la mezcla	-	100	19.44	100	30.80	100	30.60	

MSA: Mezcla original con 8% de composta adicionada (p/p) y sin adición de aserrín. Relación C/N experimental de 19.44. MSC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y sin composta como fuente de consorcio microbiano. Relación C/N experimental de 30.8. MC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y con composta (8% p/p). Relación C/N experimental de 30.60

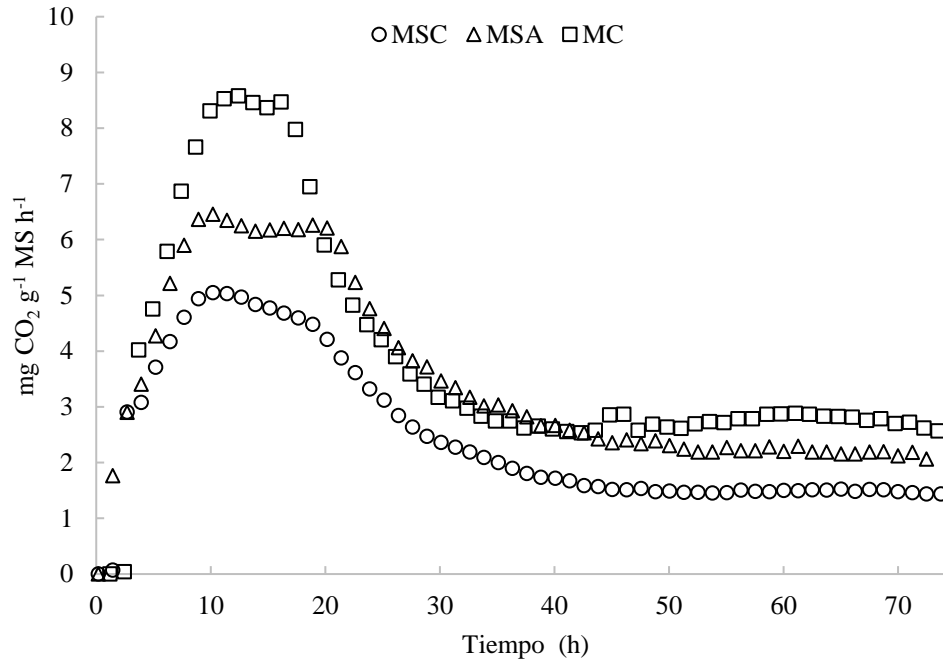
En la **Tabla 7.11** se muestran los resultados de los parámetros evaluados al inicio y al final del ensayo. Es importante observar que, al inicio del proceso, todas las muestras tuvieron un valor de pH cercano a 5 independientemente de si contienen o no contienen composta (pH aprox. de 8) o aserrín, por lo que la adición o ausencia de estos componentes no influyen en el valor inicial de pH. En lo que respecta al pH final, después de 72 h de digestión, las mezclas MSA y MC alcanzaron un valor superior de 8, mientras que la mezcla MSC, sin consorcio microbiano, aún no alcanzaba ese valor, lo cual puede relacionarse con una posible menor cantidad de microorganismos presentes en la matriz de las mezclas de RSO. En lo que respecta a los AR, se puede notar que la mezcla MSC contenía una cantidad mayor en comparación con las mezclas MSA y MC, resultado de la mayor incorporación de RSO en las mezclas resultando en una mayor cantidad de AR consumidos.

**Tabla 7.11** Condiciones iniciales y finales de la digestión de RSO de mezclas con diferentes relaciones C/N iniciales.

Mezcla	pH Inicial	pH Final	Humedad (%)	AR inicial (mg g <sup>-1</sup> MS)	AR final (mg g <sup>-1</sup> MS)	AR consumidos (mg g <sup>-1</sup> MS)	Pérdida de MS (%)	mineralización (%)
MSA	5.7	8.13	69.03	24.75	1.09	23.66	25.22	14.90
MSC	5.02	7.64	56.56	37.01	2.53	34.48	18.34	6.12
MC	5.14	8.01	73.64	20.96	1.03	19.93	29.42	18.16

En la **Figura 7.12**, se puede observar la tasa de producción de CO<sub>2</sub> de las mezclas MSC, MSA y MC obtenidas por respirometría cuyos valores máximos de producción fueron alrededor de las 15 horas de digestión, estabilizándose a partir de las 35 h.

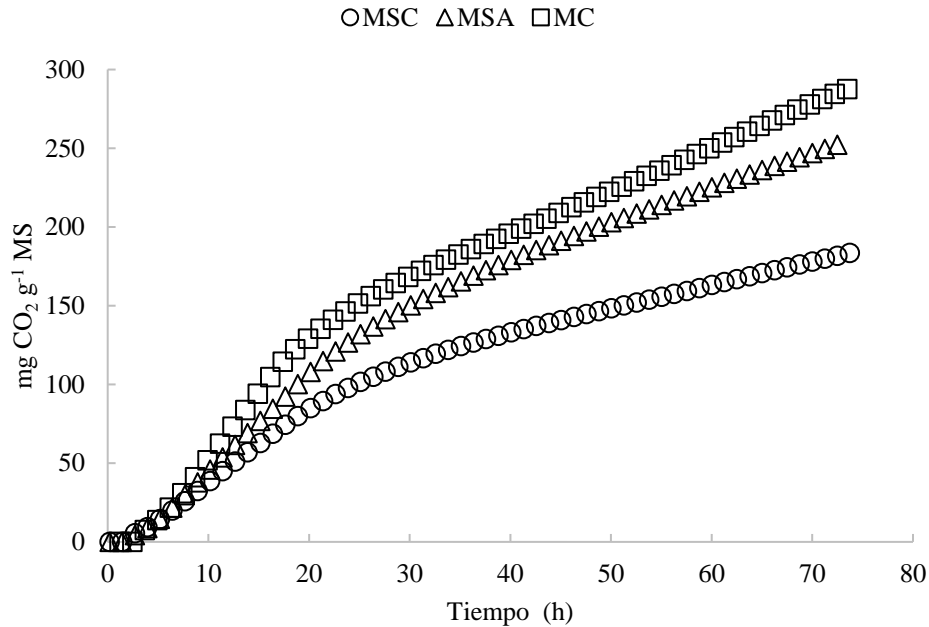
Se tiene poca información acerca del efecto de la mezcla inicial de residuos orgánicos sobre la cinética de degradación para lograr su estabilización; es por lo que Francou et al. (2008) llevaron a cabo un estudio acerca de cómo la mezcla inicial de residuos tiene influencia sobre los cambios de la materia orgánica y del producto final durante un proceso de compostaje en reactores a nivel planta piloto. Hicieron mezclas de residuos orgánicos, biosólidos y cartón y papel. Después de someter estas mezclas a un proceso de compostaje alrededor de 80 días, la cinética de mineralización de residuos orgánicos se hizo determinando la cantidad de carbono orgánico total, nitrógeno y pH resultando que, dependiendo de la composición de la mezcla inicial, la mineralización de estos residuos fue lenta en los sustratos que tenían mayor contenido de compuestos de difícil degradación siendo la de los residuos vegetales la más lenta probablemente por la cantidad de lignina en esos residuos. En cambio, en compostas elaboradas con biosólidos de materia orgánica de fácil degradación, la cinética mostró que, a los 14 días de proceso, estos compuestos ya habían sido mineralizados por acción microbiana. Concluyeron que la estabilización rápida de la materia orgánica resulta de la disminución de la fracción fácilmente biodegradable y se alarga relativamente debido a la presencia de compuestos como lignina. Es por ello, por lo que hay que hacer énfasis en que la composición inicial de los sustratos es determinante en la rapidez de la degradación y la calidad del producto obtenido después del compostaje.



**Figura 7.12** Tasa de producción de CO<sub>2</sub> de las mezclas MSC, MSA y MC.

MSA: Mezcla original con 8% de composta adicionada (p/p) y sin adición de aserrín. Relación C/N experimental de 19.44. MSC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y sin composta como fuente de consorcio microbiano. Relación C/N experimental de 30.8. MC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y con composta (8% p/p). Relación C/N experimental de 30.60

En la **Figura 7.13** se observa la producción total de CO<sub>2</sub> para las mezclas MSC, MSA y MC resaltando el hecho de que la mezcla MC tuvo una producción total mayor (287.67 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI) que la mezcla MSC (183.47 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI). La mezcla MSC a diferencia de MC, no contenía consorcio microbiano.



**Figura 7.13** Producción total de CO<sub>2</sub> de las mezclas MSC, MSA y MC.

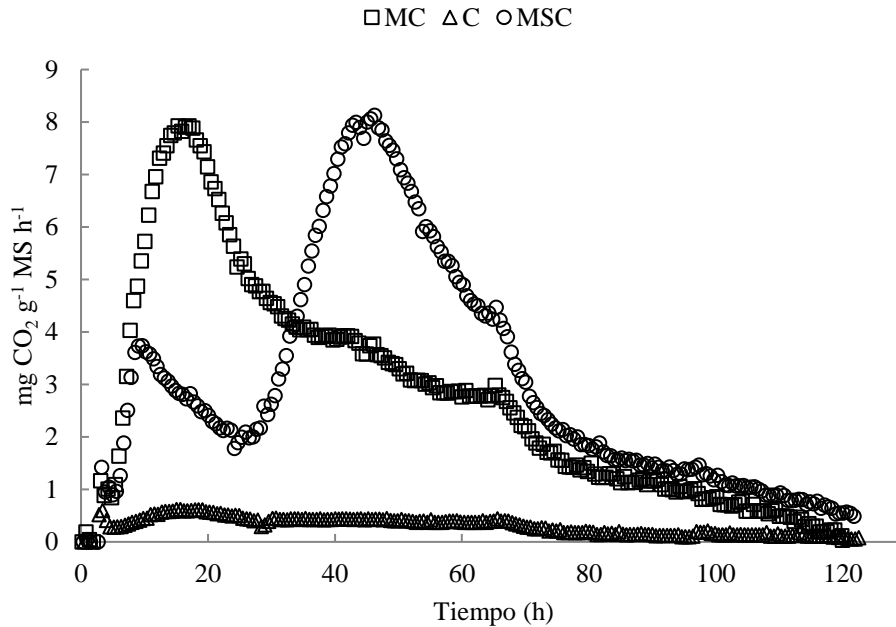
MSA: Mezcla original con 8% de composta adicionada (p/p) y sin adición de aserrín. Relación C/N experimental de 19.44. MSC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y sin composta como fuente de consorcio microbiano. Relación C/N experimental de 30.8. MC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y con composta (8% p/p). Relación C/N experimental de 30.60.

#### 7.4.1 Conclusiones parciales.

Como resultado de estos estudios de mineralización, se puede observar que la mezcla MC que contenía aserrín, consorcio, relación C/N inicial de 30, un contenido de humedad inicial cercano al 70% tuvo un porcentaje de mineralización y una tasa de producción de CO<sub>2</sub> mayor en comparación con las otras dos mezclas diseñadas (**Figura 7.12**), por lo tanto, se seleccionó esta mezcla para futuros ensayos.

### 7.5 Digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos vegetales

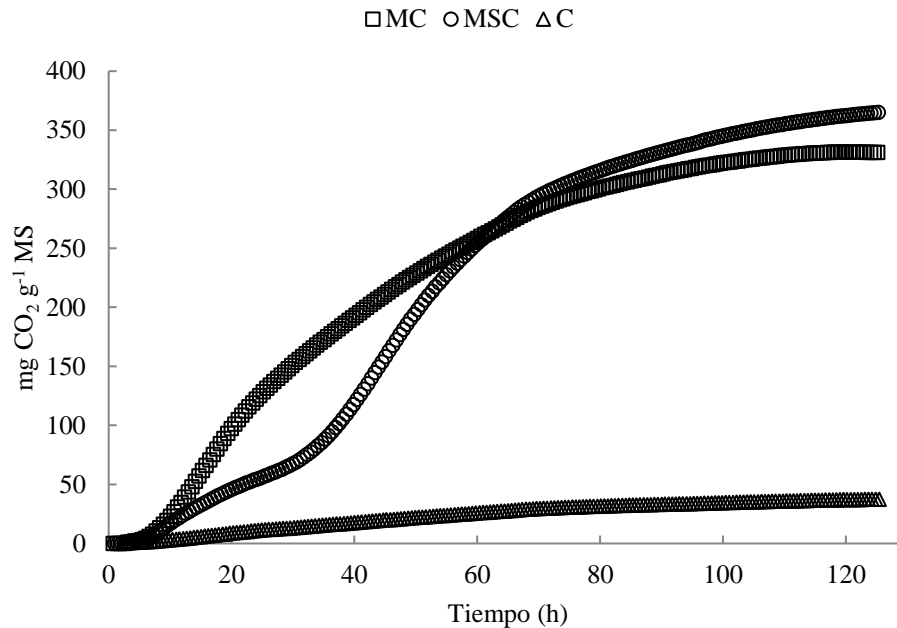
Una vez establecidas las condiciones de digestión óptimas, se procedió a llevar a cabo un bioproceso de digestión de residuos sólidos orgánicos vegetales para determinar la tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub> y los parámetros fisicoquímicos de todo el proceso para analizar la evolución de la mineralización de la materia orgánica obteniendo la siguiente gráfica:



**Figura 7.14** Tasa de producción de CO<sub>2</sub> de las mezclas MSC, MC y del consorcio microbiano (C). MSC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y sin composta como fuente de consorcio microbiano. Relación C/N experimental de 30.8. MC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y con composta (8% p/p). Relación C/N experimental de 30.60. C: Composta estable de la PCBP

Durante el proceso de digestión aerobia de residuos sólidos orgánicos vegetales, se ha demostrado que la producción de CO<sub>2</sub> se ha utilizado como un indicador de la actividad microbiana y sobre todo, del grado de mineralización de la materia orgánica. En este caso, la tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub>, indica el momento de mayor actividad metabólica del bioproceso en el que los microorganismos están en la fase más activa de degradación de los compuestos orgánicos disponibles. Podemos observar en la Figura 7.14 que el tratamiento MC, presentó la tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub> más alta con respecto a los demás tratamientos, sugiriendo que la presencia del consorcio microbiano, tuvo probablemente un efecto de sinergia con la diversidad microbiana ya presente en los RSO, lo que favoreció una rápida digestión debida a una eficiente colonización microbiana. Se observa que la producción de CO<sub>2</sub> al tener un ascenso rápido y alcanzar un máximo rápidamente de producción de CO<sub>2</sub>, la mineralización fue más completa (Alengebawy et al., 2024). En el caso de la mezcla MSC, se puede observar que, aunque sí hubo producción de CO<sub>2</sub>, la tasa de producción de dióxido de carbono fue más baja y mostró un retraso con respecto al tratamiento MC, lo que sugiere una fase de adaptación inicial de la microbiota autóctona presente en los RSO, siendo posiblemente menos eficiente en la degradación aerobia. Por último, la tasa de producción

de CO<sub>2</sub> obtenida por el consorcio microbiano (C), fue moderada, pero se mantuvo durante todo el tiempo de monitoreo indicando la madurez y estabilidad de la composta empleada.



**Figura 7.15** Producción total de CO<sub>2</sub> de las mezclas MSC, MC y de la composta (C).

MSA: Mezcla original con 8% de composta adicionada (p/p) y sin adición de aserrín. Relación C/N experimental de 19.44. MSC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y sin composta como fuente de consorcio microbiano. Relación C/N experimental de 30.8. MC: Mezcla adicionada con aserrín (4% p/p) y con composta (8% p/p). Relación C/N experimental de 30.60. C: Composta estable de la PCBP

En la **Figura 7.15**, se observa que la producción total de CO<sub>2</sub>, aumenta de manera progresiva en los tres tratamientos a lo largo de todo el tiempo que se realizó el monitoreo de la digestión. En los tratamientos MC y MSC, esto indica una actividad microbiana continua. En el caso del tratamiento MC, se puede observar un rápido incremento en las primeras horas hasta alcanzar una producción total cercana a los 400 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI a las 120 h, lo cual indica una alta tasa de mineralización que se puede atribuir al efecto sinérgico del consorcio microbiano y de la microbiota presente en los RSO. En lo que respecta al tratamiento MSC, se puede observar una curva con un ascenso más lento y menos pronunciado en comparación con MC, lo que se puede interpretar como que existe un periodo de adaptación por parte de la microbiota de los RSO, que se ve reflejado en un retraso en la mineralización de la materia orgánica, lo que respalda el uso y la incorporación de consorcios microbianos como la composta para acelerar los procesos de digestión aerobia de los RSO

(Alengebawy et al., 2024; Vinzant et al., 1990). Los resultados obtenidos, pueden ser contextualizados con lo reportado por Bravo et al. (2019) quienes utilizaron lixiviado de la PCBP como inóculo en un proceso de digestión anaerobia termófila. Aunque existen diferencias en cuanto a la naturaleza del proceso, por ser uno del tipo anaerobio y el otro aerobio, coinciden en la riqueza microbiana de los materiales provenientes de la PCBP. En el caso del lixiviado, se observó una diversidad microbiana considerable, sobre todo con la presencia de microorganismos metanogénicos. Sin embargo, se resalta el hecho de que el uso de composta madura o lixiviados provenientes de la PCBP como inóculo en procesos de digestión de materia orgánica tiene potencial debido a que los microorganismos presentes en las matrices de esos sistemas, están adaptados y resultan ser eficientes para la transformación de la materia orgánica.

### **7.5.1 Conclusiones parciales.**

La adición de composta como fuente de un consorcio microbiano, demostró una mineralización más eficiente, lo que se refleja en una mayor liberación de CO<sub>2</sub> en un tiempo menor.

La incorporación de consorcios microbianos en bioprocesos de digestión aerobia es una estrategia efectiva para la optimización de la degradación de residuos sólidos orgánicos al contribuir con la reducción de emisión de gases efecto invernadero.

## **7.6 Efecto de la adición de polisacáridos y subproductos agroindustriales como inductores de actividad enzimática utilizando composta como soporte y consorcio microbiano**

### **7.6.1 Caracterización de la composta**

La tasa de mineralización obtenida del análisis respirométrico de la composta fue de 0.01 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI h<sup>-1</sup>, este resultado se encuentra por debajo de los límites máximos establecidos por el *composting council* (US Composting Council, 2023) y por la Norma Ambiental para el Distrito Federal NADF-020-AMBT-2011, 0.041 y 0.03 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MSI h<sup>-1</sup> respectivamente para composta madura. Estos valores son resultado de poca actividad biológica de acuerdo con lo mencionado por (Boulter-Bitzer et al., 2006), quienes hacen énfasis en que la respiración microbiana ha sido propuesta como un indicador potencial de la madurez y estabilidad de composta. El valor de pH promedio obtenido fue de 8.8 ± 0.02. Existen reportes que indican que el valor de pH para composta madura y estable proveniente de residuos de poda para un proceso

de 190 días es de  $8.1 \pm 0.2$  y de  $8.3$  para composta de residuos sólidos municipales (Barrena et al., 2011; Benito et al., 2003). Tognetti et al. (2007) reportan valores de pH entre 7.8 y 8.9 para compostas estables elaboradas a partir de residuos orgánicos municipales adicionados con aserrín como agente de volumen. En estados avanzados de compostaje, el material final va modificando el pH ácido causado por la descomposición de la materia orgánica en ácidos volátiles hasta pH alcalino causado por la conversión de amonio ( $\text{NH}_4^+ \text{-N}$ ) en nitrato ( $\text{NO}_3^- \text{-N}$ ) o su volatilización como amoníaco ( $\text{NH}_3$ ) provenientes de la degradación de proteínas (Boulter-Bitzer et al., 2006).

El nitrógeno y carbono totales cuantificados para la composta fueron de  $24 \pm 0.8 \text{ g kg}^{-1}$  y  $223 \pm 2.2 \text{ g kg}^{-1}$  respectivamente. Baffi et al. (2007) reportaron para 9 compostas maduras elaboradas con la FORSU, una concentración de carbono entre  $163 \pm 8.2$  y  $388 \pm 8.8 \text{ g kg}^{-1}$  dependiendo del material inicial. Estos mismos autores reportaron para esas mismas compostas maduras, valores entre  $12.8 \pm 0.6$  y  $24.7 \pm 0.7 \text{ g kg}^{-1}$  de nitrógeno total que fue aumentando conforme avanzó el tiempo de compostaje, por lo cual, con estos parámetros, también se fundamenta la estabilidad de la composta utilizada en este estudio. La relación C/N del material composteado es siempre considerado como un indicador de la disponibilidad de nitrógeno para el proceso de degradación biológica representando un buen índice del nivel de madurez (Fourti, 2013).

El valor promedio de la relación C/N que se obtuvo para la composta de la PCBP fue de  $9 \pm 0.2$ . De acuerdo con *The California Compost Quality Council (CCQC) Compost Maturity Index (2001)*, la relación C/N ideal para composta madura debe ser de 10. Sin embargo, algunos materiales crudos o residuos inestables como estiércol pueden tener proporciones C/N más bajas, mientras que, por el contrario, abono maduro con alta concentración de cenizas o bajo contenido de materia orgánica es posible que pueda tener una relación C/N similar. Para composta madura proveniente de RSU, otros autores han reportado valores de 9.6 y 10.8 (D. Komilis et al., 2011). Debido a que la medición de la estabilidad requiere relacionar varios parámetros medidos como pH, humedad, relación C/N, actividad microbiana, (Boulter-Bitzer et al., 2006; Guo et al., 2012; Raj & Antil, 2011), es necesario analizar más de 2 parámetros que estén directamente relacionados con la medida del contenido o de la ausencia de materia orgánica fácilmente degradable para determinar el estado estabilidad de la composta (Baffi et al., 2007). Relacionando los análisis realizados para



la caracterización de la composta que se utilizó en esta sección, este material mostró características para ser considerada como composta estable de acuerdo con lo reportado por diferentes autores.

En la Tabla 7.12 se muestran los valores obtenidos de los análisis de azúcares reductores, humedad, pH, carbono total, nitrógeno total y relación C/N de los subproductos agroindustriales antes y después del tratamiento térmico (30 min en autoclave a  $15 \text{ lb in}^{-2}$  y  $121 \text{ }^\circ\text{C}$ ). En cuanto a los azúcares reductores liberados expresados como equivalentes de glucosa, únicamente se detectó un aumento significativo en las cáscaras de manzana al aumentar de 6.47 % a 14.26 % (w/w) después del tratamiento térmico. Dhillon et al. (2012) reportaron una cantidad de azúcares reductores de 10.8 -15% en base seca en residuos de manzana, lo cual coincide con lo encontrado en este estudio. Estos autores proponen el uso de cáscara de manzana para producir enzimas hidrolíticas como celulasas y xilanasas por cultivo en medio sólido sin utilizar medios de cultivo enriquecedores más que el sustrato. En el caso de las cáscaras de papa, no se detectaron azúcares reductores antes ni después del tratamiento, únicamente se infiere que el tratamiento térmico contribuyó a la gelatinización del almidón presente en las cáscaras (Dos Santos et al., 2012). Durante el tratamiento de la cascarilla de arroz, se mantuvo constante la proporción de azúcares reductores (1-2 % p/p) ya que el tratamiento térmico no liberó estos monómeros, debido probablemente a su alta composición (77.9 % p/p) de materiales lignocelulósicos (Soltani et al., 2015).

En lo que respecta al contenido de humedad, los cuatro subproductos tuvieron una disminución en el contenido de agua durante el tratamiento térmico probablemente causado por la evaporación del agua. El pH de la cáscara de manzana fue de  $3.9 \pm 0.01$ , el cual coincide con lo reportado por Dhillon et al. (2012) de  $3.5 \pm 0.1$  para residuos de manzana frescos. En general, el pH de los subproductos no mostró cambios significativos antes ni después del tratamiento térmico mostrándose dentro de los intervalos de pH encontrados por otros autores para este tipo de subproductos.

El carbono total cuantificado en los materiales estuvo entre  $379.1 \pm 1.4$  y  $455.4 \pm 0.7 \text{ g kg}^{-1}$  antes del tratamiento y entre  $379.6 \pm 1.9$  y  $456.7 \pm 0.8 \text{ g kg}^{-1}$  después del tratamiento, lo cual indica que no hubo pérdida de carbono debido al tratamiento térmico proporcionando una buena cantidad de carbono para llevar a cabo el proceso de degradación de la materia orgánica. El nitrógeno total de

los subproductos no mostró diferencia después de realizar el tratamiento térmico con respecto a la materia prima original correspondiendo a lo reportado por Dhillon et al. (2013) quienes obtuvieron 6.8 g kg<sup>-1</sup> de N en cáscara de manzana y 15.6 g kg<sup>-1</sup> de N en cascarilla de arroz respectivamente.

### **7.6.2 Caracterización de los tratamientos**

La Tabla 7.13 muestra los resultados de los análisis de humedad, pH, carbono total, nitrógeno total y relación C/N de cada uno de los tratamientos con polisacáridos y la Tabla 7.14 muestra los resultados de los subproductos agroindustriales como inductores de enzimas.

En lo que respecta al análisis de pH, no se encontraron diferencias significativas entre ninguno de los tratamientos. Sin embargo, se nota un aumento de pH conforme aumenta el tiempo en los tratamientos que se adicionaron con polisacáridos puros, hecho que puede ser explicado debido a que la intensa actividad microbiana y la degradación de la materia orgánica llevan a la formación de amoníaco como consecuencia de la amonificación del nitrógeno orgánico y la solubilización de este amoníaco lleva a la formación de amonio teniendo como consecuencia un aumento del pH (Sánchez-Monedero et al., 2001).

Durante el proceso de compostaje, el contenido de humedad es un factor muy importante que considerar para transportar los nutrientes solubles en agua requeridos para las actividades metabólicas y fisiológicas de los microorganismos (C. Liang et al., 2003). Para asegurar un buen transporte de nutrientes durante el proceso, todos los tratamientos se ajustaron a una humedad inicial cercana al 40%, debido a la poca capacidad de retención de agua que tiene la composta, manteniéndose constante la humedad durante todo el proceso y sin diferencias estadísticas con respecto a los controles. Se han reportado niveles iniciales de humedad óptimos para iniciar los procesos de compostaje que van desde 40-64 % dependiendo de la naturaleza de los materiales que se van a someter a este proceso (Mason, 2007) teniendo en cuenta que el contenido óptimo de humedad depende de propiedades fisicoquímicas específicas y características biológicas de cada material tratado (Guo et al., 2012).

**Tabla 7.12** Análisis de subproductos agroindustriales antes y después del tratamiento térmico

	Azúcares reductores		Humedad		pH		Carbón total		Nitrógeno total		Relación C/N	
	[mg g <sup>-1</sup> MS]		[%]				[g kg <sup>-1</sup> ]		[g kg <sup>-1</sup> ]			
	AT	DT	AT	DT	AT	DT	AT	DT	AT	DT	AT	DT
Cascarilla de arroz	0.2±0.03	0.1±0.06	7.7±0.7	4.2±0.2	6.3±0.04	5.8±0.02	379.1±1.4	379.6±1.9	15.1±0.8	10.9±0.1	25.2±1.3	34.8±0.1
Pulpa de café	24.4±0.50	28.1±0.57	10.7±0.6	4.7±0.4	4.1±0.02	4.1±0.06	447.9±1.3	446.3±2.2	21.5±0.4	21.0±0.9	20.8±0.5	21.3±0.7
Cáscara de manzana	64.7±0.63	142.6±3.29	87.5±1.4	86.5±0.9	3.9±0.01	3.9±0.02	455.4±0.7	456.7±0.8	9.2±0.3	10.1±0.1	49.5±1.6	45.2±0.7
Cáscara de papa	N.D.	N.D.	80.2±1.4	75.5±1.7	5.9±0.01	5.9±0.01	410.7±2.6	414.1±0.9	21.8±0.1	21.2±1.7	18.8±0.1	19.5±1.6

AT: Antes del tratamiento, DT: Después del tratamiento térmico (30 min en autoclave a 15 lb in<sup>-2</sup> y 121 °C), N.D.: No detectable.

Los valores mostrados son el promedio ± desviación estándar.

**Tabla 7.13** Resultados pH, humedad (%), carbón total, nitrógeno total y relación C/N de las muestras a diferentes tiempos del ensayo de composta adicionada con polisacáridos como inductores de actividades enzimáticas.

Tratamiento	Tiempo [h]	pH	Humedad [%]	Carbón Total [g kg <sup>-1</sup> ]	Nitrógeno Total [g kg <sup>-1</sup> ]	Relación C/N
Composta + Carboximetilcelulosa [CMC]	0	8.2 ±0.03	41.1 ±1.6	247.4±5.1	28.1±1.6	8.8±0.3
	4	8.6 ±0.04	42.3 ±2.3	244.2±6.5	26.7±1.1	9.2±0.3
	24	8.5 ±0.01	42.8 ±4.0	236.1±7.9	26.6±0.2	8.9±0.3
	48	9.2 ±0.01	43.8 ±0.2	246.0±6.1	26.9±0.3	9.2±0.3
Composta + Xilano de abedul [X]	0	8.0 ±0.06	41.0 ±6.0	246.4±16.5	27.0±2.1	9.1±0.1
	4	8.4 ±0.03	42.9 ±0.9	239.5±16.0	26.4±0.9	9.1±0.3
	24	8.6 ±0.01	45.0 ±1.1	256.7±5.1	29.6±1.0	8.7±0.2
	48	9.0 ±0.04	48.3 ±3.9	230.9±16.7	27.5±2.1	8.4±0.1
Composta + Ácido poligalacturónico [P]	0	7.7 ±0.03	42.2 ±0.8	236.7±5.4	21.6±4.4	11.0±0.4
	4	8.0 ±0.04	37.6 ±4.0	224.0±20.1	22.8±1.5	9.8±0.3
	24	8.6 ±0.03	44.7 ±0.9	272.9±9.8	27.0±2.3	10.1±0.2
	48	9.0 ±0.01	44.6 ±1.8	250.1±12.5	26.3±1.5	9.5±0.2
Composta + Almidón soluble [S]	0	8.2 ±0.01	43.7 ±1.4	281.8±9.7	28.8±0.9	9.8±0.0
	4	8.0 ±0.00	44.0 ±3.1	238.4±5.7	23.1±6.0	10.3±0.4
	24	8.4 ±0.02	47.9 ±0.9	211.1±7.1	24.0±1.2	8.8±0.2
	48	8.8 ±0.04	47.9 ±1.7	235.4±6.6	27.2±0.4	8.6±0.1
Composta + Mezcla de polisacáridos [Polisac100]	0	7.9 ±0.00	43.2 ±2.1	257.2±7.3	23.3±0.6	11.0±0.0
	4	8.2 ±0.01	41.6 ±2.0	277.7±9.7	26.0±1.1	10.7±0.1
	24	8.3 ±0.05	44.0 ±4.9	241.8±14.2	24.1±1.2	10.0±0.1
	48	8.7 ±0.01	41.1 ±0.1	268.8±17.4	27.0±1.8	10.0±0.1
Control Composta + Agua [W1]	0	8.2 ±0.01	40.0 ±3.4	235.6±6.2	26.8±0.7	9.0±0.1
	4	8.8 ±0.03	43.3 ±3.7	223.4±7.9	25.1±0.8	8.9±0.1
	24	8.9 ±0.04	43.5 ±2.9	274.3±3.9	29.2±4.3	8.8±0.2
	48	9.0 ±0.01	42.0 ±2.3	259.7±8.8	29.1±1.0	8.9±0.0

0.0 significa que la desviación estándar fue menor que 0.05

**Tabla 7.14** Resultados pH, humedad (%), carbón total, nitrógeno total y relación C/N de las muestras a diferentes tiempos del ensayo de composta adicionada con subproductos agroindustriales como inductores de actividades enzimáticas.

Tratamiento	Tiempo [h]	pH	Humedad [%]	Carbón Total [g kg <sup>-1</sup> ]	Nitrógeno Total [g kg <sup>-1</sup> ]	Relación C/N
Composta + Cascarilla de arroz [RH]	0	8.2 ±0.04	40.4 ±1.3	280.5±8.4	29.8±2.2	9.4±1.0
	4	8.3 ±0.02	37.1 ±0.6	278.4±9.3	29.7±3.4	9.4±0.4
	24	8.3 ±0.02	42.1 ±1.0	264.8±9.4	28.3±1.3	9.4±0.7
	48	8.4 ±0.01	51.6 ±1.5	258.2±3.03	29.2±4.1	8.8±0.2
Composta + Cáscara de manzana [AP]	0	8.0 ±0.04	41.6 ±1.0	292.3±1.1	30.5±0.5	9.6±0.2
	4	8.2 ±0.00	40.7 ±0.5	285.6±8.6	31.9±0.2	9.0±0.5
	24	8.2 ±0.02	42.4 ±0.6	268.4±8.5	30.7±1.2	8.7±0.1
	48	8.3 ±0.00	48.7 ±3.5	269.3±10.3	31.6±0.5	8.5±0.2
Composta + Pulpa de café [CP]	0	8.1 ±0.04	49.6 ±2.0	267.6±10.4	29.2±2.2	9.2±1.0
	4	8.1 ±0.02	42.7 ±0.9	265.3±9.2	29.4±2.7	9.0±0.6
	24	8.2 ±0.05	48.1 ±0.7	248.4±5.7	28.5±0.3	8.7±0.4
	48	8.5 ±0.04	45.9 ±0.7	239.0±3.7	28.3±5.3	8.5±0.3
Composta + Cáscara de papa [PP]	0	7.9 ±0.04	49.4 ±0.8	271.7±4.8	28.4±1.0	9.6±0.2
	4	7.9 ±0.00	43.3 ±0.7	265.3±9.3	28.5±0.3	9.3±0.7
	24	8.2 ±0.02	49.9 ±1.9	246.4±3.5	27.3±2.6	9.0±1.2
	48	8.4 ±0.01	49.0 ±8.1	237.1±22.1	23.2±4.4	10.2±0.9
Composta + Mezcla de subproductos [SubAgro100]	0	8.0 ±0.04	42.1 ±5.8	291.8±16.8	28.0±1.9	10.4±0.2
	4	8.1 ±0.04	44.6 ±1.5	274.85±9.3	27.4±1.2	10.0±0.4
	24	8.2 ±0.01	44.7 ±0.7	254.3±3.6	29.7±0.7	8.6±1.1
	48	8.5 ±0.02	44.7 ±0.6	246.0±16.9	31.0±2.3	7.9±0.1
Control Composta + agua [W2]	0	8.3±0.05	43.7 ±1.7	282.0±2.9	27.4±1.6	10.3±0.3
	4	8.7±0.01	41.7 ±1.3	275.3±3.9	27.3±0.3	10.1±0.4
	24	8.9±0.02	43.0 ±0.4	274.8±7.3	25.4±1.2	10.8±0.2
	48	8.4±0.03	49.6 ±3.1	246.9±0.9	26.4±1.0	9.3±0.3

0.0 significa que la desviación estándar fue menor que 0.05

La concentración de carbono total en el control de los tratamientos con polisacáridos (W1) fue de  $235.6 \pm 6.2 \text{ g kg}^{-1}$ , mientras que, para los demás tratamientos, la concentración inicial de carbono varió entre  $236.7 \pm 5.4$  y  $281.8 \pm 9.7 \text{ g kg}^{-1}$ , sin mostrar diferencia significativa con respecto al control. En el caso de los tratamientos con subproductos, el carbono total inicial para el control (W2) fue de  $282.0 \pm 2.9 \text{ g kg}^{-1}$ , mientras que, para los demás tratamientos, el CT estuvo entre  $267.6 \pm 10.4$  y  $292.3 \pm 1.1 \text{ g kg}^{-1}$  sin mostrar diferencia con respecto al control.

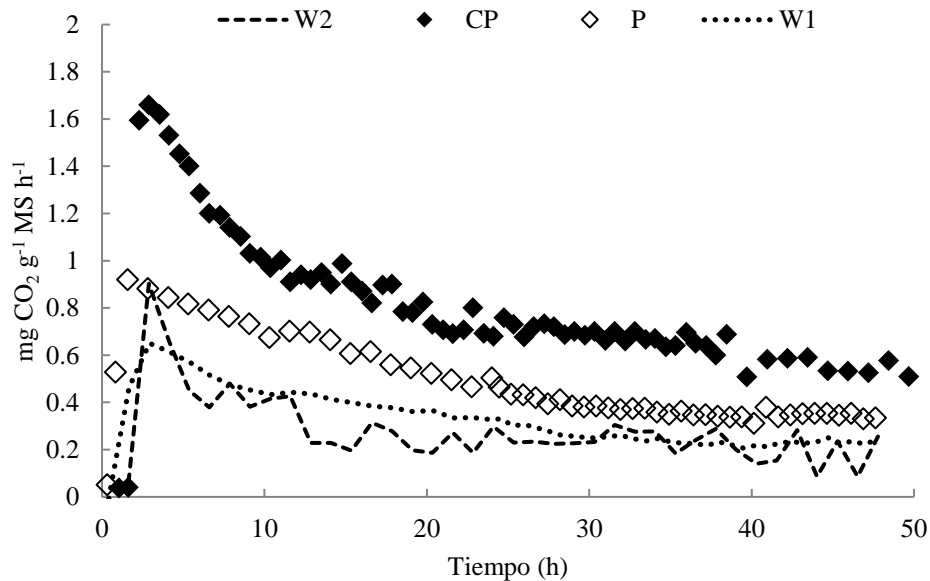
El NT inicial en todos los tratamientos con los polisacáridos estuvo entre  $21.6 \pm 4.4$  y  $29.6 \pm 0.3 \text{ g kg}^{-1}$  y con los subproductos entre  $23.2 \pm 4.4$  y  $31.9 \pm 0.2 \text{ g kg}^{-1}$  siendo mayor la cantidad de nitrógeno en los subproductos, debido a su naturaleza pero sin encontrar diferencia significativa entre ambos grupos lo cual sugiere que no hubo pérdida de nitrógeno como lo observó Sánchez-Monedero et al. (2001) quienes indicaron que la pérdida de nitrógeno es menor y más lenta en residuos con altas proporciones de lignina. Sin embargo, un incremento en el nitrógeno, como se puede observar en el tratamiento SubAgro100 puede ser atribuido a un efecto de concentración como consecuencia de la mineralización de carbono orgánico (Said-Pullicino et al., 2007). La relación C/N de todos los tratamientos, estuvo por debajo de lo recomendado (25-35) para iniciar los procesos de biodegradación y muy cercano a valores comúnmente reportados (10-15) para compostas maduras (Bueno et al., 2008) y para materia orgánica proveniente de residuos de comida (4.3 y 22.8) de restaurantes y cafeterías (Adhikari et al., 2008) por lo que se debe considerar la naturaleza de los materiales al hacer el diseño del proceso.

### **7.6.3 Análisis respirométrico**

Las técnicas respirométricas forman parte de los métodos más usados para la determinación de la estabilidad de compostas. Estas técnicas se basan en medir el consumo de oxígeno o la producción de  $\text{CO}_2$  durante el tratamiento de residuos biológicos bajo condiciones aerobias (Villaseñor et al., 2011). Este tipo de análisis permite obtener mediciones adecuadas para evaluar la estabilidad de los materiales debido a que son capaces de medir el grado en el que la materia orgánica fácilmente biodegradable se ha descompuesto durante el compostaje (Grigatti et al., 2011); en los últimos años, los índices respirométricos se han utilizado para cuantificar la evolución en diferentes tipos de procesos tanto en cultivo líquido como sólido (Barrena et al.,

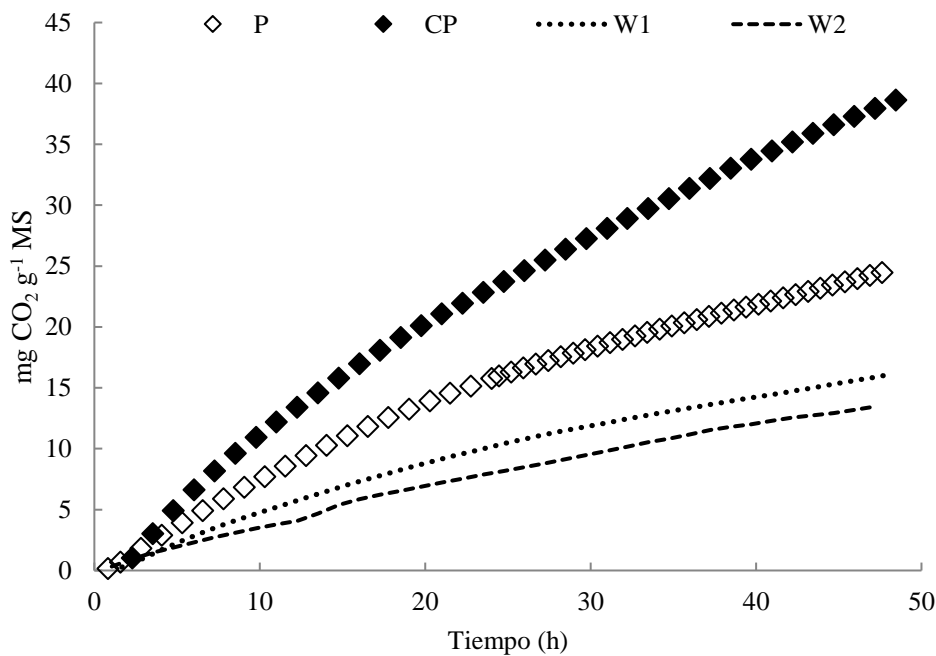
2011). La tasa de producción de CO<sub>2</sub> se analizó durante 48 horas para cada tratamiento. Se compararon los subproductos agroindustriales con el polisacárido correspondiente que se adicionó a la composta madura para inducir la producción del mismo tipo de enzimas de acuerdo con lo descrito en la

Tabla 6.2. Los análisis de pH, respirometría, humedad, CT, NT y relación C/N, aplicados a la composta que se utilizó como soporte, se hicieron con el material a una humedad menor al 10%, caracterizando la composta como material estable. La humedad se ajustó al 40% para servir de control para los demás tratamientos, esta condición presentó una producción de CO<sub>2</sub> considerablemente menor que la producida por los otros tratamientos, se considera una condición control. Este hecho puede ser explicado debido a que contenidos bajos de humedad causan deshidratación en la composta lo cual detiene los procesos biológicos, dando así compostas que son biológicamente estables, por el contrario, altos contenidos de humedad favorecen el establecimiento de condiciones anaerobias en los procesos de biodegradación (C. Liang et al., 2003). La mayor tasa de producción encontrada fue en el tratamiento con la mezcla de los subproductos (1.74 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MS h<sup>-1</sup>) a las 4 horas de proceso. Entre el tratamiento CMC y el control W2 no hubo diferencia significativa en cuanto a la producción de CO<sub>2</sub> (datos no mostrados).



**Figura 7.16** Tasa de producción de CO<sub>2</sub> durante la mineralización de los tratamientos con pectina (P) y con pulpa de café (CP). W1: control para el tratamiento P. W2: control para el tratamiento CP.

En la **Figura 7.16** se puede apreciar como ejemplo representativo de todos los tratamientos, el perfil obtenido de la tasa de producción de CO<sub>2</sub> por P y CP que tuvieron una tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub> de 0.92 y 1.66 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MS h<sup>-1</sup> a las 2 h y 3 h respectivamente, notándose una ventaja sobre sus controles respectivos (0.65 y 0.81 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup>MS h<sup>-1</sup>). Un comportamiento similar se observó para el resto de los tratamientos al tener una tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub> entre las 2 y 4 h de haber iniciado el proceso y decayendo conforme avanzó el tiempo hasta valores menores a 0.8 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MS h<sup>-1</sup> a las 48 h. Si observamos los controles W1 y W2, se puede notar que estos controles presentaron una tasa de producción de CO<sub>2</sub> menor en comparación con el resto de los tratamientos, esto se explica en parte porque se trata de una composta estable.

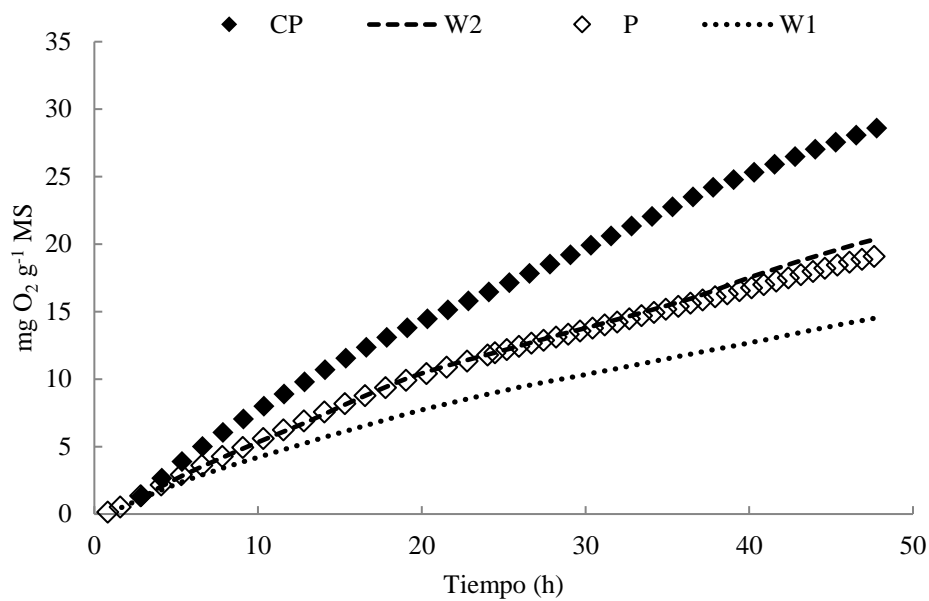


**Figura 7.17** Producción total de CO<sub>2</sub> del tratamiento de composta adicionada con pulpa de café (CP) y del tratamiento con ácido poligalacturónico (P). W1: control para el tratamiento P. W2: control para el tratamiento CP.

Los resultados de la Tabla 7.15, indican que la tasa máxima de producción de CO<sub>2</sub> de la mezcla de subproductos fue 1.6 veces mayor que la mezcla de los polisacáridos, encontrando una diferencia de mineralización total de 10.95 mg CO<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> MS sobre lo mineralizado en el tratamiento con polisacáridos.



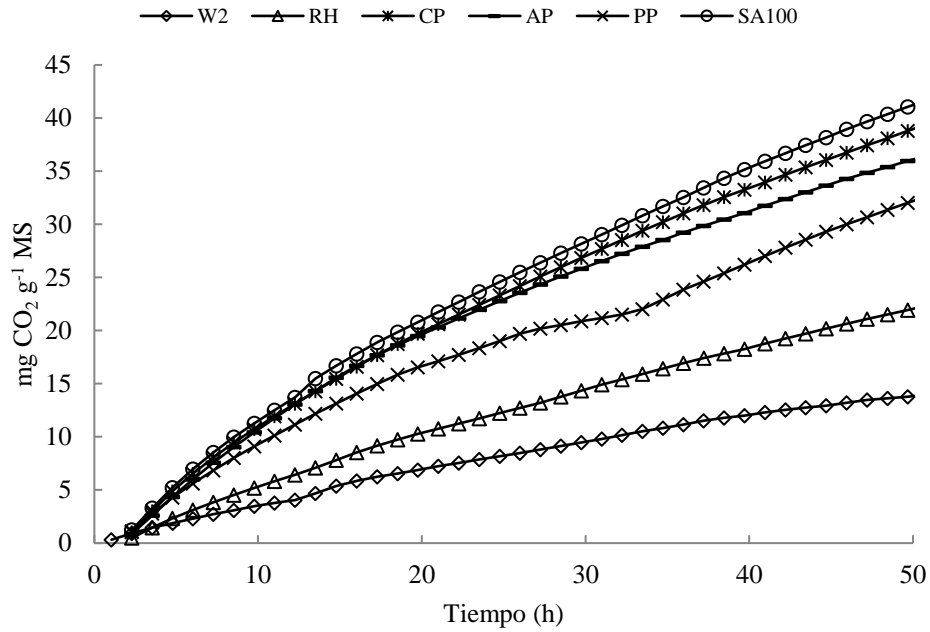
La **Figura 7.18** muestra el consumo total de  $O_2$  para los tratamientos CP y P comparados con W1 y W2, se observa que el consumo de P no muestra diferencia con el control W2 al trasladarse los datos experimentales, pero sí con el control W1. La pendiente de las curvas trazadas por los datos experimentales es diferente para cada uno de los tratamientos siendo mayor la tasa de consumo de  $O_2$  y producción de  $CO_2$  en los tratamientos con pendientes mayores. En general, se aprecia que la producción total de  $CO_2$  (**Figura 7.17**) y consumo total de  $O_2$  (**Figura 7.18**) en los tratamientos con los subproductos fue mayor que en los tratamientos con los polisacáridos. De igual manera, los controles W1 y W2, fueron los que presentaron el menor consumo de  $O_2$  (14.52 y 20.39 mg  $O_2$  g<sup>-1</sup>MS) y menor producción de  $CO_2$  (16.01 y 12.12 mg  $CO_2$  g<sup>-1</sup>MS) en comparación con los tratamientos con polisacáridos y subproductos respectivamente, lo que puede ser explicado por la falta de materia orgánica susceptible a degradación en los controles.



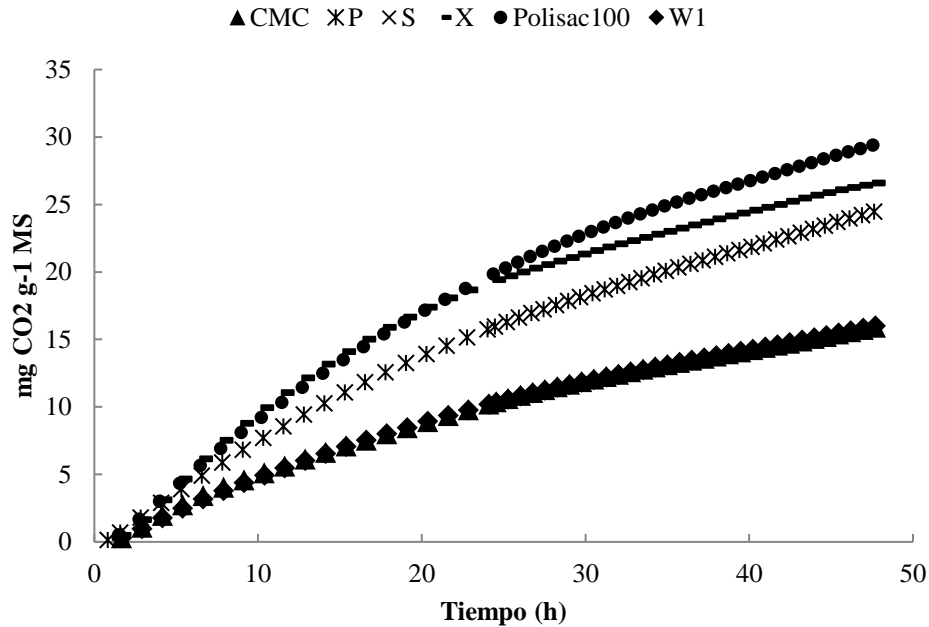
**Figura 7.18** Consumo total de  $O_2$  por los tratamientos P y CP. W1: Control para P. W2: Control para CP.

La mayor mineralización de materia orgánica en  $CO_2$ , la presentó la mezcla de composta con los subproductos agroindustriales (SubAgro100) al ser de 40.35 mg  $CO_2$  g<sup>-1</sup>MS seguido por los tratamientos AP y CP con 38.59 y 36.94 mg  $CO_2$  g<sup>-1</sup>MS (Figura 7.19), mientras que el valor máximo de mineralización de  $CO_2$  para los tratamientos con polisacáridos la obtuvo el tratamiento S con 33.32 mg  $CO_2$  g<sup>-1</sup>MS seguido por el tratamiento Polisac100 con 29.40 mg  $CO_2$  g<sup>-1</sup>MS

(Figura 7.20). Estos resultados muestran que en los tratamientos que incluyeron los subproductos, el carbono de la materia orgánica se transformó en CO<sub>2</sub> en mayor cantidad que en los que incluyeron únicamente a los polisacáridos.



**Figura 7.19** Producción total de CO<sub>2</sub> de los tratamientos adicionados con subproductos agrícolas (RH, CP, AP, PP y SubAgro100). W2: control para todos los tratamientos



**Figura 7.20** Producción total de CO<sub>2</sub> de los tratamientos adicionados con polímeros (CMC, P, S, X y Polisac100). W1: control para todos los tratamientos

#### 7.6.4 Modelamiento matemático

Derivado del análisis respirométrico, se obtuvieron los datos de CO<sub>2</sub> producido y O<sub>2</sub> consumido con respecto al tiempo, tomando en cuenta el flujo de aire, se obtuvieron las tasas de producción y consumo de estos gases, respectivamente. Estos datos se integraron para obtener la producción de total CO<sub>2</sub> y el consumo total de O<sub>2</sub>. Los datos fueron modelados matemáticamente. A partir de la ecuación general de Pirt (Ec. 1) para consumo del sustrato (*S*) y de la ecuación de crecimiento celular (*X*) de primer orden modificada (Ec. 2), se obtuvo la ecuación propuesta.

El procedimiento matemático se resume como sigue:

Ecuación general de Pirt para consumo de sustrato

$$-\frac{dS}{dt} = \frac{1}{Y_{X/S}} \frac{dX}{dt} + mX \quad (\text{Ec. 1})$$

Ecuación de crecimiento celular de primer orden modificada

$$\frac{dX}{dt} = k(X - b) \quad (\text{Ec. 2})$$

Dividiendo Ec. 1 entre la Ec. 2

$$\frac{-\frac{dS}{dt} - \frac{1}{Y_{X/S}} \frac{dX}{dt}}{\frac{dX}{dt}} = \frac{mX}{k(X-b)} \quad (\text{Ec. 3})$$

$$\frac{-dS - \frac{1}{Y_{X/S}} dX}{dX} = \frac{mX}{k(X-b)} \quad (\text{Ec. 4})$$

$$-\int_{S_0}^S dS - \frac{1}{Y_{X/S}} \int_{X_0}^X dX = \frac{m}{k} \int_{X_0}^X \frac{X}{(X-b)} dX \quad (\text{Ec. 5})$$

$$(S_0 - S) - \frac{1}{Y_{X/S}} (X - X_0) = \frac{m}{k} [b \text{Ln}(X - b) + X]_{X_0}^X \quad (\text{Ec. 6})$$

$$(S_0 - S) - \frac{1}{Y_{X/S}} (X - X_0) = \frac{m}{k} \left[ b \text{Ln} \left[ \frac{X - b}{X_0 - b} \right] + (X - X_0) \right] \quad (\text{Ec. 7})$$

$$(S_0 - S) - \frac{1}{Y_{X/S}} (X - X_0) = \frac{m}{k} \left[ b \text{Ln} \frac{X - b}{X_0 - b} \right] + \frac{m}{k} (X - X_0) \quad (\text{Ec. 8})$$

$$(S_0 - S) - \frac{1}{Y_{X/S}} (X - X_0) - \frac{m}{k} (X - X_0) = \frac{m}{k} b \left[ \text{Ln} \frac{X - b}{X_0 - b} \right] \quad (\text{Ec. 9})$$

$$(S_0 - S) - \left( \frac{1}{Y_{X/S}} + \frac{m}{k} \right) (X - X_0) = \frac{m}{k} b \text{Ln} \left[ \frac{X - b}{X_0 - b} \right] \quad (\text{Ec. 10})$$

Ecuación propuesta para el consumo de sustrato ( $S_0 - S$ ):

$$S_0 - S = \left( \frac{1}{Y_{X/S}} + \frac{m}{k} \right) (X - X_0) + \left( \frac{m}{k} b \right) \text{Ln} \left[ \frac{X - b}{X_0 - b} \right] \quad (\text{Ec. 11})$$

Modelo simplificado para el consumo de sustrato y producción de  $CO_2$  cuando el coeficiente de mantenimiento ( $m$ ) es despreciable:

$$S_0 - S = \left( \frac{1}{Y_{X/S}} \right) (X - X_0) = O_{20} - O_2 = \left( \frac{1}{CR} \right) (CO_2 - CO_{20}) \quad (\text{Ec. 12})$$

$$Y_{X/S} = CR = 1.03 \pm 0.13 \quad (\text{Ec. 13})$$

En donde:

$t$ : Tiempo (h)

$S_0 - S$ : Oxígeno total consumido ( $O_{20} - O_2$ ) ( $\text{mg g}^{-1}\text{MSI}$ ).

$X - X_0$ : Crecimiento estimado por el  $CO_2$  producido ( $CO_2 - CO_{20}$ ) ( $\text{mg g}^{-1}\text{MSI}$ ).

$Y_{x/s}$ : Rendimiento  $CO_2/O_2$ , es el coeficiente respiratorio ( $CR$ ,  $\text{mmol mmol}^{-1}$ ) en este caso.

$m$ : Coeficiente de mantenimiento ( $\text{g S g}^{-1}\text{X h}^{-1}$ )

$b$ : Concentración mínima de  $CO_2$  asintótica ( $\text{mg O}_2 (\text{mg CO}_2 \text{ h})^{-1}$ ).

$k$ : Constante de mineralización de  $CO_2$  de 1er orden ( $\text{h}^{-1}$ ).

El crecimiento microbiano se puede estimar indirectamente por la producción de  $CO_2$  siempre y cuando que el rendimiento  $Y_{X/CO_2}$  se mantenga constante (Martínez-Ramírez et al., 2021).

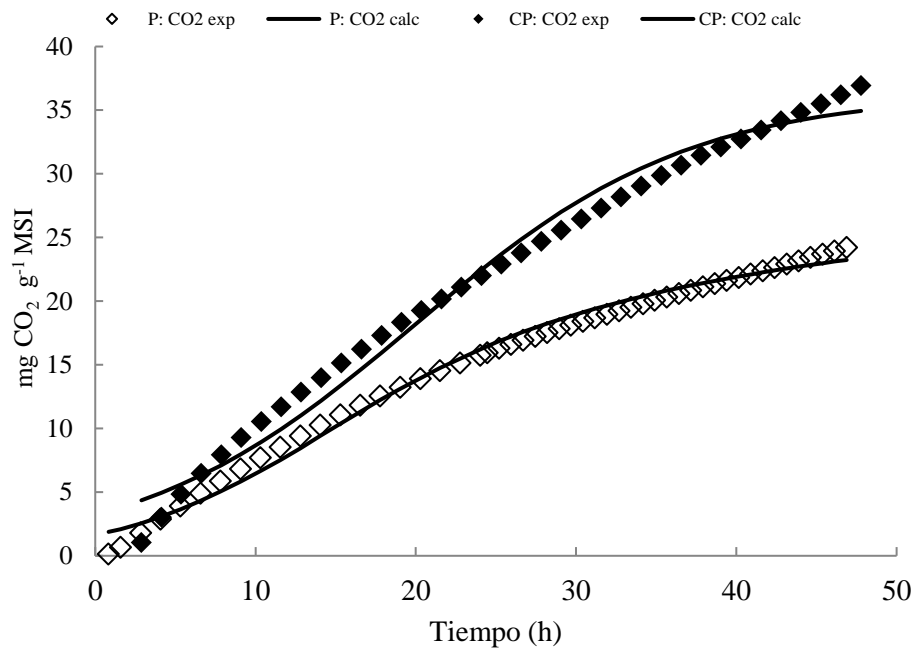
La biomasa microbiana ( $X$ ) se puede estimar indirectamente a través de la producción de  $CO_2$  a partir de la siguiente ecuación:

$$CO_2 = b + \frac{CO_{20} - b}{e^{kt}} \quad (\text{Ec. 14})$$

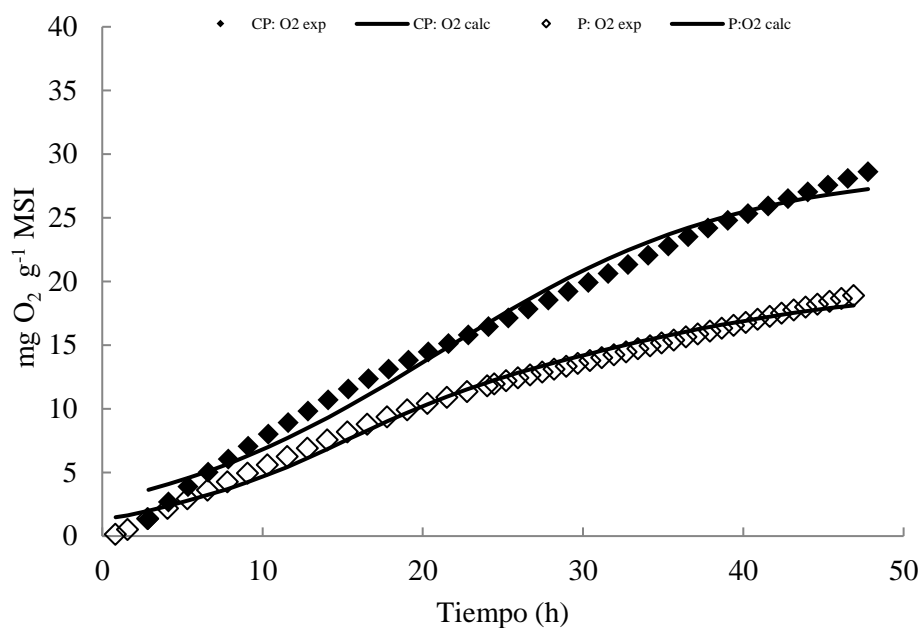
A continuación, se describirá el detalle del ajuste del modelo y la obtención de los parámetros cinéticos de los tratamientos con pulpa de café (CP) y pectina (P) comparados con sus respectivos controles. El manejo de datos fue igual para todos los tratamientos y los resultados se resumen en

la Tabla 7.15. Se utilizó una regresión múltiple para estimar los parámetros de la ecuación propuesta completa (Ec. 12) ( $Y_{x/s}$ ,  $m$  y  $k$ ) y la subrutina Solver de Excel para ajustar los parámetros de la ecuación para obtener el  $\text{CO}_2$  calculado ( $b$ ,  $X_0$  y  $k$ ).

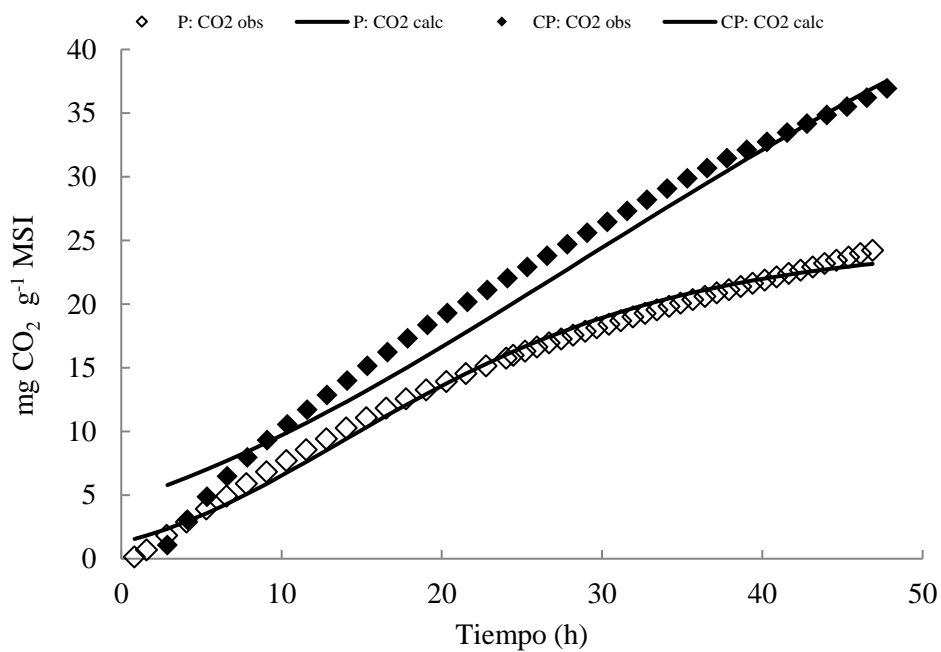
Los datos experimentales de la formación de  $\text{CO}_2$  y consumo de  $\text{O}_2$  totales de todos los tratamientos fueron ajustados primeramente a los modelos de Gompertz (Figura 7.23) y logístico como se observa en los siguientes ejemplos para CP y P (Figura 7.21 y Figura 7.22) en las que los círculos representan los resultados experimentales y las líneas los resultados del ajuste a los modelos integrales.



**Figura 7.21** Ajuste de la producción total del  $\text{CO}_2$  de los datos experimentales de los tratamientos P y CP al modelo logístico.



**Figura 7.22** Ajuste del consumo total de  $O_2$  de los datos experimentales de los tratamientos P y CP al modelo logístico.

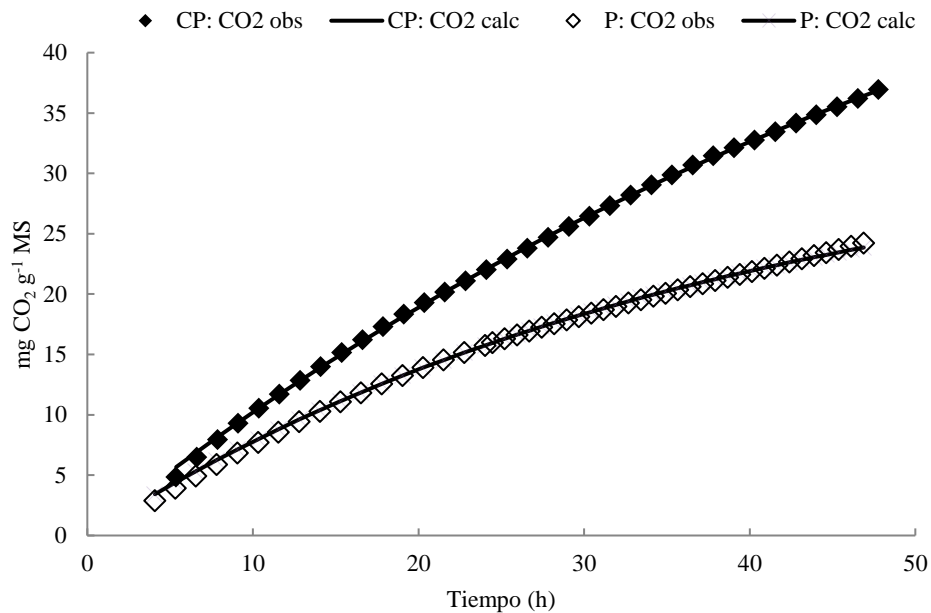


**Figura 7.23** Ajuste de los datos experimentales de la producción de  $CO_2$  por los tratamientos P y CP al modelo de Gompertz.

Los modelos logístico y Gompertz son empleados frecuentemente para describir cinéticas de crecimiento en fermentaciones en medio sólido y líquido, en especial el modelo Logístico ya que esta ecuación puede describir adecuadamente toda la curva de crecimiento, mientras que, para el uso de otras ecuaciones cinéticas, el ciclo de crecimiento debe ser dividido en intervalos, cada uno con una diferente ecuación (Mitchell et al., 2004) . Sin embargo, las constantes de mineralización del ajuste de los datos experimentales de todos los tratamientos al modelo integral de Gompertz, fueron menores (30-70%) que las constantes obtenidas por el modelo logístico, por lo tanto, no se consideraron para este trabajo coincidiendo con lo reportado por (Martínez-Valdez et al., 2015) en donde analizaron el fenómeno de mineralización rápida y lenta de residuos sólidos orgánicos en un sistema similar al de este estudio. A pesar de que se observó que los ajustes de los datos experimentales a los dos modelos mostraron un coeficiente de correlación mayor que 0.970 para todos los tratamientos, se observó que estos modelos no describieron de manera adecuada el comportamiento de la curvatura de los datos experimentales, por lo tanto, se ajustaron los datos al modelo matemático propuesto en este trabajo.

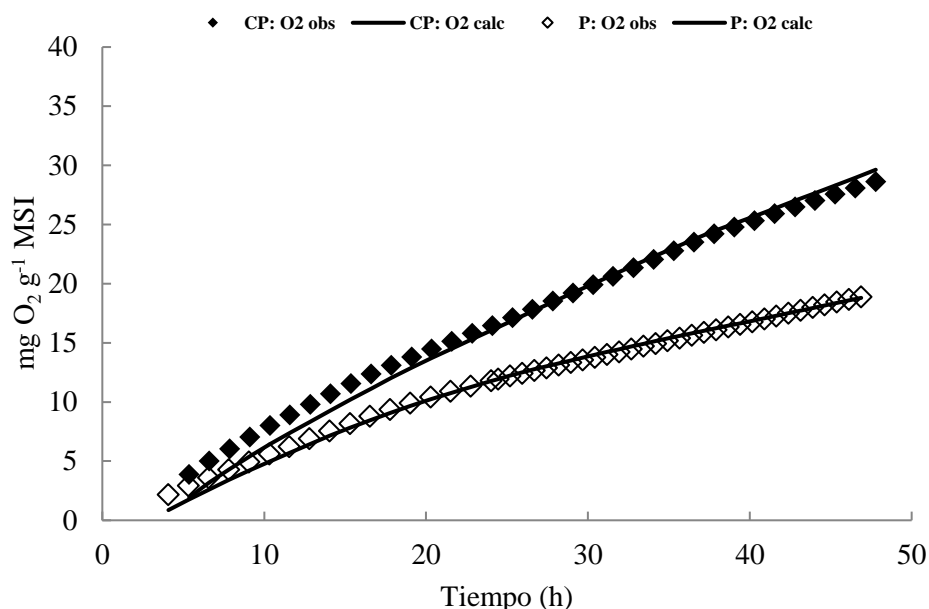
La Figura 7.24 muestra el ajuste de la producción total de CO<sub>2</sub> con el modelo propuesto para los tratamientos P y CP a partir de la regresión lineal múltiple. Se puede observar en la Tabla 7.15, que el coeficiente de correlación ( $R^2$ ) para este ajuste fue de 1.000 lo que significa que hubo una correlación total entre los datos experimentales y los calculados con el modelo. Lo mismo sucedió con los demás tratamientos en los cuales  $R^2$  para el ajuste de CO<sub>2</sub> tuvo valores de 1.000 para el 75% de los ajustes.





**Figura 7.24** Ajuste de los datos experimentales de la producción total de CO<sub>2</sub> de los tratamientos con pulpa de café (CP) y ácido poligalacturónico (P) al modelo matemático propuesto. Los rombos vacíos representan los datos obtenidos experimentalmente. Las líneas continuas representan el ajuste de los datos al modelo propuesto en este estudio.

En la Figura 7.25 se observan los datos experimentales del O<sub>2</sub> consumido en conjunto con los datos calculados con el modelo propuesto, mostrando un R<sup>2</sup> de 0.997, lo cual indica que el modelo predice de muy buena manera los datos experimentales de P y CP al igual que el de los demás tratamientos al encontrar que R<sup>2</sup> tuvo valores entre 0.997 y 0.999.



**Figura 7.25** Modelamiento del consumo de O<sub>2</sub> de los tratamientos P y CP al modelo propuesto. Los rombos vacíos representan los datos obtenidos experimentalmente. Las líneas continuas representan el ajuste de los datos al modelo propuesto en este estudio.

Como se observa en la Tabla 7.15, las constantes de primer orden para los tratamientos con polisacáridos estuvieron entre 0.52 y 0.93 d<sup>-1</sup> y entre 0.21 y 0.61 d<sup>-1</sup> para los tratamientos con subproductos. Estos valores coinciden con los reportados por Ponsá et al. (2011) para la FORSU para la mineralización rápida de lodos de aguas residuales mezclados con paja de maíz quienes obtuvieron valores de entre 0.060 y 0.795 d<sup>-1</sup>. Ponsá et al. (2011) enfatizan la diferencia entre la biodegradación rápida y lenta de la materia orgánica al establecer los intervalos de 0.096 - 0.6 d<sup>-1</sup> para la materia orgánica de fácil degradación y de 0.001 - 0.011 d<sup>-1</sup> para la materia orgánica de difícil degradación, tomando en cuenta que, si se encuentran valores inferiores a 0.001, se estará tratando con materia orgánica estable. De acuerdo con lo establecido por este autor, todos los tratamientos analizados en este estudio, presentaron características de la materia orgánica de fácil asimilación con base en los valores de las constantes de primer orden, sugiriendo que como la mineralización en los tratamientos con subproductos fue mayor, estos pueden ser adecuados para utilizarse en cultivos en medio sólido.

Los valores que se obtuvieron para la constante  $b$ , mostraron variabilidad entre todos los tratamientos. Para el caso del par P-CP, el valor de  $b$  para CP (69.16) fue 2 veces el valor de P. Los valores iniciales de  $\text{CO}_2$  inicial ( $X_0$ ) para CP y P, ajustados al modelo, fueron de 0.00, lo cual sugiere que, al inicio del proceso, el  $\text{CO}_2$  formado fue despreciable. Este mismo valor se obtuvo para los tratamientos CMC, S, y AP. Derivado del análisis respirométrico, se obtuvieron los coeficientes respiratorios experimentales (CR). El CR describe la estequiometría del proceso considerando solo la oxidación de los carbohidratos y es expresado como  $\text{mmol CO}_2/\text{mmol O}_2$  al igual que el valor del rendimiento  $Y_{x/s}$  proveniente de la ecuación propuesta. Los tratamientos con subproductos agroindustriales tuvieron un rendimiento superior que los tratamientos con polisacáridos. El CR de cada uno de los tratamientos se describen en la Tabla 7.15. Valores cercanos a 1, sugieren que el proceso se llevó a cabo en condiciones aerobias que puede ser descrito por la estequiometría de oxidación de las hexosas (Martínez-Valdez et al., 2015). En lo que respecta a los valores de la constante de mantenimiento  $m$ , Pirt (1982) menciona que este valor es una constante para el consumo de energía consumida por otras funciones independientes al crecimiento. Los valores obtenidos de  $m$ , resultan ser cero o muy pequeños, lo que sugiere que el mantenimiento en las condiciones ensayadas es nulo y no debe considerarse en el modelo, con lo cual, éste se simplifica como se mostró anteriormente en la ecuación 12.

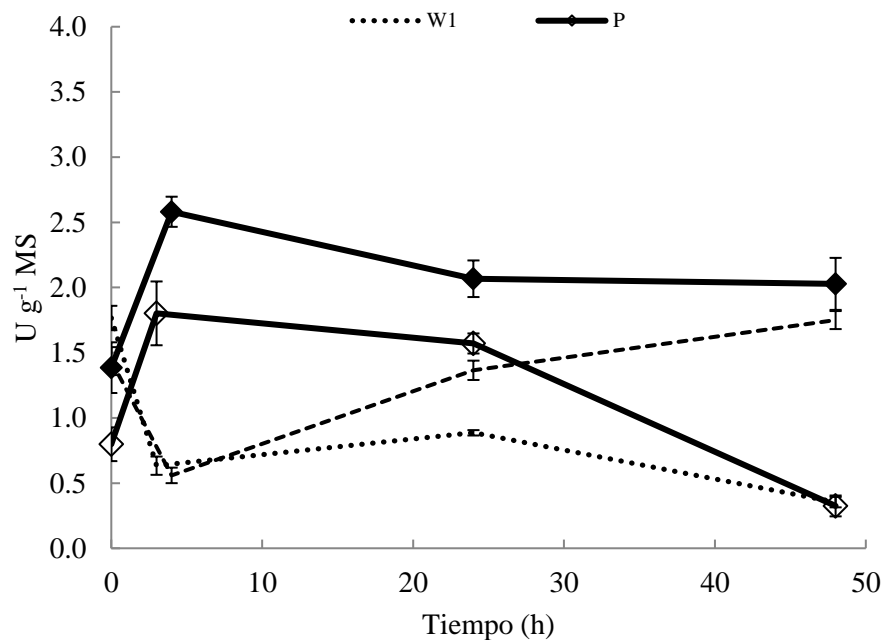
De acuerdo con estos resultados, se pudo establecer que todos los datos experimentales del cultivo en medio sólido de este estudio se ajustaron al modelo propuesto y que, con él, se pudieron obtener los parámetros que lo describen en términos de formación de  $\text{CO}_2$  y consumo de  $\text{O}_2$  sin importar la complejidad de los materiales con los que se hayan llevado a cabo los procesos de cultivo en medio sólido.

### 7.6.5 Ensayo enzimático

Las actividades enzimáticas se manifestaron de manera diferente para cada uno de los tratamientos. Uno de los objetivos de este trabajo fue estudiar la producción de enzimas hidrolíticas, principalmente celulasas, amilasas, xilanasas y pectinasas por lo que se adicionaron polisacáridos y subproductos como inductores de estas enzimas como se indica en la **Tabla 6.2**

Se compararon los tratamientos que pudieran estimular el mismo tipo de enzimas y se tienen los siguientes pares: CMC y RH (celulasas), X y RH (xilanasas), S y PP (amilasas), P y AP (pectinasas), P y CP (pectinasas) y Polisac100 y SubAgro100 para todas las enzimas. La presencia de lignina, hemicelulosa y celulosa, actúan como inductores naturales y muchos de estos residuos son ricos en azúcar estimulando el crecimiento de hongos filamentosos, haciendo este tipo de procesos más económicos, en especial para la producción de enzimas celulolíticas y ligninolíticas (Dhillon et al., 2012).

Bernal et al. (1998) reportaron que los residuos frescos ricos en nitrógeno proveen un alto valor agrícola estimulando el metabolismo microbiano y la producción de enzimas. Por otra parte, Bon & Ferrara (2007) mencionan que, tanto para cultivo en medio sólido como en líquido, el control de los parámetros como humedad, concentración del cultivo de microorganismos, transferencia de CO<sub>2</sub> y O<sub>2</sub>, temperatura y pH son necesarios para obtener el máximo rendimiento de enzimas. En la Figura 7.26, se observa el perfil de actividad pectinolítica en los tratamientos P y CP, se puede apreciar que, para ambos tratamientos, esta actividad se vio favorecida al inicio, encontrando la mayor actividad enzimática al tiempo en el que se encontró la máxima tasa de producción de CO<sub>2</sub>, resultando contrario para los controles.



**Figura 7.26** Perfil de actividad enzimática pectinasa para los tratamientos de composta adicionada con ácido poligalacturónico (P) y con pulpa de café (CP). W1 control para P. W2: Control para CP.

**Tabla 7.15** Valores experimentales y parámetros cinéticos de la producción y consumo de CO<sub>2</sub> y O<sub>2</sub>

Tratamiento	Tasa máxima de producción de CO <sub>2</sub> [mg CO <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> MSI h <sup>-1</sup> ]	Tasa máxima de consumo de O <sub>2</sub> [mg O <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> MSI h <sup>-1</sup> ]	Producción total de CO <sub>2</sub> [mg CO <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> MSI]	Consumo total de O <sub>2</sub> [mg O <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> MSI]	Coeficiente Respiratorio [mmol CO <sub>2</sub> mmol <sup>-1</sup> O <sub>2</sub> ]	Modelo Matemático Propuesto						
						<i>Xo</i> [mg CO <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> MSI]	<i>b</i> [mg CO <sub>2</sub> g <sup>-1</sup> MSI]	<i>k</i> [d <sup>-1</sup> ]	R <sup>2</sup> <sub>CO<sub>2</sub></sub>	<i>CR</i> [mmolCO <sub>2</sub> mmol <sup>-1</sup> O <sub>2</sub> ]	<i>m</i> <sup>*</sup> [mgO <sub>2</sub> (mgCO <sub>2</sub> h) <sup>-1</sup> ]	R <sup>2</sup> <sub>O<sub>2</sub></sub>
<b>POLISACÁRIDOS</b>												
CMC	0.76 ± 0.02	0.65 ± 0.04	15.84 ± 0.11	14.58 ± 0.12	0.81 ± 0.01	0.00	22.80	0.59 ± 6.38E-05	1.000	0.75	0.00	0.998
SS	1.26 ± 0.04	0.93 ± 0.01	33.13 ± 0.23	22.60 ± 0.10	1.07 ± 0.01	0.00	51.72	0.53 ± 1.92E-04	1.000	0.73	0.0071	0.996
BX	1.29 ± 0.04	0.95 ± 0.00	26.50 ± 0.11	23.41 ± 0.15	0.84 ± 0.01	0.75	31.03	0.93 ± 2.88E-04	0.999	0.79	0.00	0.999
PA	0.90 ± 0.04	0.79 ± 0.13	24.35 ± 0.18	19.00 ± 0.16	0.92 ± 0.01	0.00	33.75	0.63 ± 1.08E-04	1.000	0.85	0.00	0.999
Polisac100	1.07 ± 0.03	0.85 ± 0.01	29.28 ± 0.18	23.22 ± 0.15	0.89 ± 0.04	0.51	46.10	0.52 ± 1.69E-04	0.999	0.62	0.00	0.998
W1	0.67 ± 0.03	0.55 ± 0.01	15.92 ± 0.13	14.44 ± 0.11	0.82 ± 0.01	0.56	27.73	0.42 ± 8.96E-05	1.000	0.74	0.00	0.998
<b>SUBPRODUCTOS AGRÍCOLAS</b>												
RH	0.98 ± 0.01	0.78 ± 0.04	24.35 ± 0.33	21.06 ± 1.36	0.79 ± 0.01	0.00	45.41	0.37 ± 4.33E-05	1.000	0.83	0.00	0.999
PP	1.46 ± 0.06	0.98 ± 0.07	34.97 ± 0.18	27.67 ± 0.53	0.94 ± 0.03	1.22	97.83	0.21 ± 5.28E-05	1.000	1.03	0.00	0.998
CP	1.64 ± 0.03	1.17 ± 0.02	37.79 ± 1.20	29.28 ± 0.93	0.95 ± 0.00	0.00	69.16	0.38 ± 3.68E-05	1.000	0.91	0.00	0.997
AP	1.67 ± 0.04	1.15 ± 0.04	38.88 ± 0.41	31.10 ± 0.86	0.96 ± 0.02	0.00	54.21	0.61 ± 1.30E-05	1.000	1.21	0.00	0.998
SubAgro100	1.72 ± 0.03	1.21 ± 0.02	39.70 ± 0.93	29.62 ± 1.19	0.99 ± 0.01	0.46	77.26	0.36 ± 4.20E-05	1.000	0.89	0.00	0.997
W2	0.84 ± 0.04	0.73 ± 0.04	12.76 ± 0.90	20.55 ± 0.22	0.47 ± 0.04	0.33	22.16	0.39 ± 2.17E-04	0.998	0.50	0.00	0.996

\* El coeficiente se consideró como cero en una versión del modelo simplificado

Las abreviaciones están indicadas en la Tabla 6.1

W1: Control de polisacáridos, W2: Control de subproductos

Las actividades enzimáticas que se obtuvieron en todos los tratamientos, se muestran en Tabla 7.16 y Tabla 7.17.

**Tabla 7.16** Actividades enzimáticas obtenidas de los diferentes tratamientos de composta adicionados con polisacáridos medidos a diferentes tiempos de proceso.

Tratamiento	Tiempo [h]	Amilolítica	Celulolítica	Pectinolítica		Xilanolítica
				[U g <sup>-1</sup> MS]		
Composta + Carboximetilcelulosa [CMC]	0	0.3±0.2	1.4±0.1	2.0±0.1	1.4±0.1	
	4	0.7 ±0.2	1.2±0.0	0.6±0.2	1.1±0.2	
	24	1.2 ±0.1	3.0±0.2	0.7±0.1	2.9±0.0	
	48	0.8 ±0.1	1.2±0.2	1.5±0.1	2.3±0.1	
Composta + Almidón soluble [S]	0	0.7±0.2	3.5±0.1	1.7±0.1	3.3±0.1	
	4	0.6±0.2	1.5±0.1	1.4±0.0	2.4±0.1	
	24	1.2 ±0.1	1.8±0.1	1.7±0.1	2.5±0.0	
	48	0.8±0.2	1.4±0.1	0.8±0.0	3.0±0.1	
Composta + Ác. poligalacturónico [P]	0	0.4±0.2	1.2±0.0	0.8±0.2	2.0±0.0	
	4	0.6±0.1	0.8±0.1	1.8±0.1	1.5±0.1	
	24	0.2±0.2	0.4±0.2	1.6±0.0	0.3±0.1	
	48	0.7±0.2	0.5±0.2	0.3±0.2	1.1±0.1	
Composta + Xilano de abedul [X]	0	2.1±0.1	3.0±0.0	1.3±0.1	4.7±0.1	
	4	0.8±0.1	1.0±0.1	1.5±0.1	2.3±0.0	
	24	0.9±0.1	0.4±0.2	1.1±0.0	0.9±0.1	
	48	0.6±0.2	0.5±0.1	1.7±0.1	1.3±0.0	
Composta + Mezcla de polisacáridos [Polisac100]	0	0.7±0.1	2.5±0.1	0.8±0.1	2.9±0.1	
	4	1.0±0.2	1.5±0.2	2.7±0.0	2.2±0.1	
	24	0.5±0.1	0.2±0.2	1.6±0.1	0.5±0.1	
	48	0.7±0.3	0.7±0.2	1.5±0.1	0.6±0.1	
Control Composta + agua [W1]	0	0.2±0.3	0.9±0.0	1.8 ±0.1	1.5±0.0	
	4	0.9±0.1	0.8±0.2	0.6±0.1	1.5±0.1	
	24	0.3±0.2	0.4±0.1	0.9±0.0	0.5±0.2	
	48	0.3±0.1	0.5±0.1	0.4±0.1	1.0±0.2	

El valor 0.0 significa que la desviación estándar fue menor que 0.1

**Tabla 7.17.** Actividades enzimáticas obtenidas de los diferentes tratamientos de composta adicionados con subproductos agroindustriales medidos a diferentes tiempos de proceso.

Tratamiento	Tiempo [h]	Amilolítica	Celulolítica	Pectinolítica	Xilanolítica
[U g <sup>-1</sup> MS]					
Composta + Cascarilla de arroz [RH]	0	0.5±0.2	0.4±0.1	1.1±0.1	1.0±0.1
	4	0.4±0.2	0.1±0.2	0.4±0.1	0.5±0.2
	24	0.6±0.1	0.6±0.0	0.7±0.2	0.9±0.1
	48	0.8±0.1	0.6±0.1	1.6±0.1	0.8±0.0
Composta + Cáscara de papa [PP]	0	0.7±0.1	0.3±0.1	0.1±0.3	1.5±0.2
	4	0.6±0.0	0.5±0.1	0.5±0.1	0.6±0.2
	24	1.9±0.1	0.4±0.1	0.9±0.1	0.3±0.2
	48	1.0±0.1	0.4±0.1	1.7±0.2	0.7±0.2
Composta + Pulpa de café [CP]	0	0.4±0.2	0.4±0.1	1.4±0.1	1.2±0.1
	4	0.6±0.1	0.5±0.1	2.6±0.0	0.7±0.1
	24	0.6±0.1	0.1±0.2	2.1±0.1	0.2±0.1
	48	0.4±0.2	0.4±0.1	2.0±0.1	1.6±0.1
Composta + Cáscara de mazana [AP]	0	0.5±0.1	0.6±0.0	1.3±0.2	1.1±0.1
	4	0.4±0.3	0.3±0.2	0.9±0.1	0.8±0.1
	24	1.2±0.1	0.4±0.1	1.7±0.1	0.2±0.1
	48	0.9±0.2	0.3±0.2	2.1±0.2	0.9±0.1
Composta + Mezcla de subproductos [SubAgro100]	0	0.3±0.3	0.9±0.1	0.2±0.2	0.6±0.1
	4	0.5±0.2	0.2±0.2	1.3±0.2	1.3±0.1
	24	0.6±0.2	0.3±0.2	0.8±0.1	1.1±0.0
	48	0.5±0.4	0.3±0.2	0.9±0.2	0.8±0.1
Control Composta + agua [W2]	0	0.6±0.1	0.5±0.0	1.4±0.1	0.1±0.2
	4	0.6±0.1	0.3±0.1	0.6±0.1	0.9±0.1
	24	0.7±0.2	0.4±0.1	1.4±0.1	1.4±0.1
	48	0.8±0.1	0.4±0.1	1.8±0.0	1.1±0.1

El valor 0.0 significa que la desviación estándar fue menor que 0.1

La mayor actividad pectinolítica fue encontrada en el tratamiento CP con  $2.58 \pm 0.12$  U g<sup>-1</sup> MS en contraste con lo obtenido por (Castilho et al., 2000) obtenidas de *Aspergillus niger* utilizando trigo y pulpa de soya en cultivo en medio sólido. En cuanto a la actividad celulasa, esta se vio favorecida con la adición de carboximetilcelulosa (tratamiento CMC) ya que se detectaron  $2.98 \pm 0.04$  U g<sup>-1</sup> MS a las 24 h y con la adición de almidón (tratamiento S) se cuantificaron  $3.53 \pm 0.35$  U g<sup>-1</sup> MS de actividad celulasa al inicio del cultivo, lo que representó cerca de 4 veces más actividad que el control (W1) con  $0.94 \pm 0.14$  U g<sup>-1</sup>MS y 150 veces más actividad que la reportada por Dos Santos et al. (2012) que fue de  $0.023$  U mL<sup>-1</sup> durante la optimización de producción de celulasas de *A. niger* por cultivo en medio sólido usando cáscaras de manzana. No se detectaron actividad celulasa

ni xilanasa como se esperaba en el tratamiento RH, lo cual se atribuye a la naturaleza y composición de la cascarilla de arroz y a que este tipo de enzimas comienzan a sintetizarse a tiempos prolongados de fermentación con residuos ricos en lignina, celulosa y hemicelulosa ya que para hacer accesible el xilano se necesita un tratamiento previo con diferentes tipos de celulasas (Dutta et al., 2014). El tratamiento de composta con Xilano (X), fue el que mostró la mayor actividad xilanasa al tiempo inicial del proceso ( $4.73 \pm 0.41 \text{ U g}^{-1}\text{MS}$ ) seguido por los tratamientos CMC y Polisac100 ( $2.9 \pm 0.14 \text{ U g}^{-1}\text{MS}$  en ambos casos) a las 0 y 24 h respectivamente. Sin embargo, estos valores de actividad son cerca del 50% de la actividad reportada por Ko et al. (2005) que fue de  $7.14 \text{ U g}^{-1}$  en composta. La presencia de lignina, celulosa y hemicelulosa en subproductos, actúan como inductores naturales de enzimas celulasas y lignocelulasas estimulando principalmente, el crecimiento de hongos filamentosos debido a que estos residuos son ricos en azúcares, lo que resulta en un proceso económicamente viable para la producción de estas enzimas (Dhillon et al., 2012). Los tratamientos que no se mencionaron, no mostraron diferencias significativas con respecto a los controles para la estimulación de cada una de las síntesis de las actividades enzimáticas estudiadas. En este estudio se atribuye que la síntesis de enzimas sí fue estimulada por la presencia de inductores, sobre todo de los polisacáridos; esto puede ser porque en esos tratamientos, los microorganismos presentes en la composta encuentran este tipo de sustratos mayormente disponibles en comparación con los subproductos logrando inducir las enzimas en menores intervalos de tiempo. Tomando en cuenta las fuentes de obtención de materia prima, probablemente resulta más viable utilizar subproductos agroindustriales empleando tiempos de proceso más largos para dar tiempo a que los materiales induzcan la síntesis de enzimas por los microorganismos presentes en el cultivo y se puedan obtener títulos más altos de actividad enzimática.

#### **7.6.6 Conclusiones parciales**

Las condiciones de operación para este cultivo con los diferentes tratamientos, permitieron obtener mayores tasas de producción de  $\text{CO}_2$  con los tratamientos que incluyeron subproductos agroindustriales que con la adición de polisacáridos encontrando la mayor tasa de producción de  $\text{CO}_2$  ( $1.74 \text{ mg CO}_2 \text{ g}^{-1} \text{MSI h}^{-1}$ ) y la mayor producción total de  $\text{CO}_2$  ( $40.35 \text{ mg CO}_2 \text{ g}^{-1} \text{MSI}$ ) a las 48 h de proceso en el tratamiento con la mezcla de subproductos agroindustriales (SubAgro100).



Los datos experimentales pudieron ser ajustados de manera muy precisa al modelo matemático propuesto en este estudio. Con base en los resultados obtenidos, se infiere que el proceso se llevó a cabo en condiciones aerobias y que todos los tratamientos analizados presentaron características de la materia orgánica de fácil degradación de acuerdo con los valores de la constante de formación de CO<sub>2</sub> de primer orden ( $k$ ) coincidiendo con lo reportado en la literatura.

La inducción de enzimas fue favorecida mayormente con la adición de polisacáridos que con los subproductos agroindustriales explicado por la composición química compleja de estos materiales. Los resultados experimentales sugieren que este tipo de materiales complejos tienen potencial para ser utilizados en cultivos sólidos para producir enzimas aportando un valor agregado a la composta y disminuyendo la cantidad de materiales que ingresan diariamente a la planta de compostaje.

## 8 CONCLUSIONES GENERALES

1. Todas las muestras de composta analizadas, mostraron características fisicoquímicas de productos estables y maduros al cumplir con los parámetros establecidos en la normatividad nacional e internacional vigente.
2. El rediseño del proceso de la PCBP realizado en el año 2014 no alteró la calidad del producto final, lo que indica que la estandarización del proceso no comprometió la calidad del producto obtenido ni su eficiencia.
3. En las muestras de composta, la humedad y la tasa de producción de CO<sub>2</sub> mostraron una correlación directa, lo que sugiere que una humedad adecuada favorece la actividad microbiana y estimula la mineralización de los RSO.
4. Se observó una mayor diversidad fúngica en comparación con la diversidad bacteriana lo que resalta el hecho de la adaptación de los hongos a cambios ambientales y su papel clave durante la degradación y digestión de materia orgánica.
5. La presencia de hongos de los géneros *Metarhizium*, *Peniophora* y *Botryotricum* en todas las muestras, sugiere una importancia central en el proceso de compostaje, tanto como microorganismos degradadores como microorganismos de biocontrol.
6. Todos los microorganismos identificados poseen la capacidad de producir enzimas hidrolíticas (amilasas, celulasas, xilanasas y pectinasas) relevantes para la degradación de materia orgánica.

7. La mezcla MC, con una relación de C/N de 30 y adicionada con un consorcio microbiano presentó la mayor tasa de producción de CO<sub>2</sub> resultando efectiva para la digestión aerobia de RSO.
8. El modelo matemático propuesto mostró un alto grado de ajuste a los datos experimentales permitiendo modelar y predecir la cinética de mineralización (producción de CO<sub>2</sub>) y de consumo de O<sub>2</sub>.
9. Los subproductos agroindustriales tuvieron mayor capacidad de inducción de actividades enzimáticas que los polisacáridos, lo que puede ser aprovechado para la valorización de dichos materiales.

## **9 PROSPECTIVAS**

- Explorar el uso de consorcios microbianos específicos como inóculos en el proceso de compostaje.
- Ampliar en análisis metagenómico para la detección de comunidades microbianas de la composta.
- Evaluar el potencial de los microorganismos encontrados para el diseño de bioinsumos como biofertilizantes y agentes de biocontrol.
- Estudiar la adaptación de las comunidades microbianas a cambios o perturbaciones ambientales o en la composición de los residuos.
- Investigar la adición de diferentes agentes de volumen sobre la cinética de mineralización de materia orgánica.
- Complementar la caracterización de la composta con análisis como compuestos volátiles y otros metabolitos secundarios.

## 10 REFERENCIAS

1. Adhikari, B. K., Barrington, S., Martinez, J., & King, S. (2008). Characterization of food waste and bulking agents for composting. *Waste Management*, 28(5), 795–804. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2007.08.018>
2. Ahmad, S., Khan, N., Fatima, F., Siddiqui, S., Siddiqui, M. H., Alam, P., Albalawi, T., & Ahmad, M. M. (2025). Enhancing entomopathogenic fungal resources through genetic engineering- A natural and pre-emptive approach to insect pest management. *Fungal Biology Reviews*, 53. <https://doi.org/10.1016/j.fbr.2025.100442>
3. Al Atrouni, A., Joly-Guillou, M.-L., Hamze, M., & Kempf, M. (2016). Reservoirs of Non-baumannii Acinetobacter Species. *Frontiers in Microbiology*, 7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00049>
4. Alengebawy, A., Ran, Y., Osman, A. I., Jin, K., Samer, M., & Ai, P. (2024). Anaerobic digestion of agricultural waste for biogas production and sustainable bioenergy recovery: a review. *Environmental Chemistry Letters*, 22(6), 2641–2668. <https://doi.org/10.1007/s10311-024-01789-1>
5. Arrigoni, J. P., Paladino, G., Garibaldi, L. A., Hedenström, E., Zhang, W., & Laos, F. (2024). Performance of small-scale composting in low ambient temperatures: Effects of adding animal by-products and recycling leachates. *Waste Management Bulletin*, 2. <https://doi.org/10.1016/j.wmb.2024.09.003>
6. Aw, K. M. S., & Hue, S. M. (2017). Mode of Infection of Metarhizium spp. Fungus and Their Potential as Biological Control Agents. *Journal of Fungi*, 3(2), 30. <https://doi.org/10.3390/jof3020030>
7. Aydin, S., Shahi, A., Ozbayram, E. G., Ince, B., & Ince, O. (2015). Use of PCR-DGGE based molecular methods to assessment of microbial diversity during anaerobic treatment of antibiotic combinations. *Bioresource Technology*, 192, 735–740. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.05.086>
8. Azhdarpoor, A., Mortazavi, B., & Moussavi, G. (2014). Oily wastewaters treatment using Pseudomonas sp. isolated from the compost fertilizer. *Journal of Environmental Health Science and Engineering*, 12(1). <https://doi.org/10.1186/2052-336x-12-77>
9. Azim, K., Soudi, B., Boukhari, S., Perissol, C., Roussos, S., & Thami Alami, I. (2018). Composting parameters and compost quality: a literature review. In *Organic Agriculture* (Vol. 8, Number 2, pp. 141–158). Springer Netherlands. <https://doi.org/10.1007/s13165-017-0180-z>
10. Baffi, C., Dell'Abate, M. T., Nassisi, A., Silva, S., Benedetti, A., Genevini, P. L., & Adani, F. (2007). Determination of biological stability in compost: A comparison of methodologies. *Soil Biology and Biochemistry*, 39(6), 1284–1293. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2006.12.004>

11. Banchi, E., Pallavicini, A., & Muggia, L. (2020). Relevance of plant and fungal DNA metabarcoding in aerobiology. *Aerobiologia*, *36*(1), 9–23.  
<https://doi.org/10.1007/s10453-019-09574-2>
12. Barelli, L., Moonjely, S., Behie, S. W., & Bidochka, M. J. (2016). Fungi with multifunctional lifestyles: endophytic insect pathogenic fungi. *Plant Molecular Biology*, *90*(6), 657–664. <https://doi.org/10.1007/s11103-015-0413-z>
13. Barrena, R., d'Imporzano, G., Ponsá, S., Gea, T., Artola, A., Vázquez, F., Sánchez, A., & Adani, F. (2009). In search of a reliable technique for the determination of the biological stability of the organic matter in the mechanical-biological treated waste. *Journal of Hazardous Materials*, *162*(2–3), 1065–1072.  
<https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2008.05.141>
14. Barrena, R., Turet, J., Busquets, A., Farrés, M., Font, X., & Sánchez, A. (2011). Respirometric screening of several types of manure and mixtures intended for composting. *Bioresource Technology*, *102*(2), 1367–1377.  
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.09.011>
15. Barton, R. C. (2011). *Candida rugosa*: a new fungal pathogen emerging, but from where? *Journal of Medical Microbiology*, *60*(3), 265–266.  
<https://doi.org/10.1099/jmm.0.029199-0>
16. Benito, M., Masaguer, A., Moliner, A., Arrigo, N., & Palma, R. M. (2003). Chemical and microbiological parameters for the characterisation of the stability and maturity of pruning waste compost. *Biology and Fertility of Soils*, *37*(3), 184–189.  
<https://doi.org/10.1007/s00374-003-0584-7>
17. Bernal, M. P., Albuquerque, J. a, & Moral, R. (2009). Composting of animal manures and chemical criteria for compost maturity assessment. A review. *Bioresource Technology*, *100*(22), 5444–5453.  
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2008.11.027>
18. Bernal, M. P., Sánchez-Monedero, M. A., Paredes, C., & Roig, A. (1998). Carbon mineralization from organic wastes at different composting stages during their incubation with soil. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, *69*(3), 175–189.  
[https://doi.org/10.1016/S0167-8809\(98\)00106-6](https://doi.org/10.1016/S0167-8809(98)00106-6)
19. Bon, E. P. S., & Ferrara, M. A. (2007). *Bioethanol Production via Enzymatic Hydrolysis of Cellulosic Biomass*. <http://www.embrapa.br>
20. Bonito, G., Isikhuemhen, O. S., & Vilgalys, R. (2010). Identification of fungi associated with municipal compost using DNA-based techniques. *Bioresource Technology*, *101*(3), 1021–1027. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2009.08.109>
21. Bouhia, Y., Hafidi, M., Ouhdouch, Y., El Boukhari, M. E. M., El Fels, L., Zeroual, Y., & Lyamlouli, K. (2022). Microbial Community Succession and Organic Pollutants Removal During Olive Mill Waste Sludge and Green Waste Co-composting. *Frontiers in Microbiology*, *12*.  
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.814553>

22. Boulter-Bitzer, J. I., Trevors, J. T., & Boland, G. J. (2006). A polyphasic approach for assessing maturity and stability in compost intended for suppression of plant pathogens. *Applied Soil Ecology*, *34*(1), 65–81.  
<https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2005.12.007>
23. Bożym, M., & Siemiątkowski, G. (2018). Characterization of composted sewage sludge during the maturation process: a pilot scale study. *Environmental Science and Pollution Research*, *25*. <https://doi.org/10.1007/s11356-018-3335-x>
24. Bravo, A. K. G., Serrano, D. A. S., Jiménez, G. L., Nirmalkar, K., Murugesan, S., García-Mena, J., Castillo, M. E. G., & Gálvez, L. R. T. (2019). Microbial profile of the leachate from Mexico city's bordo poniente composting plant: An inoculum to digest organicwaste. *Energies*, *12*(12). <https://doi.org/10.3390/en12122343>
25. Bueno, P., Tapias, R., López, F., & Díaz, M. J. (2008). Optimizing composting parameters for nitrogen conservation in composting. *Bioresource Technology*, *99*(11), 5069–5077. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2007.08.087>
26. Burns, R. G. (2013). *Molecular Environmental Soil Science*. 27–47.  
<https://doi.org/10.1007/978-94-007-4177-5>
27. Burr, M. D., Clark, S. J., Spear, C. R., & Camper, A. K. (2006). Denaturing gradient gel electrophoresis can rapidly display the bacterial diversity contained in 16S rDNA clone libraries. *Microbial Ecology*, *51*(4), 479–486.  
<https://doi.org/10.1007/s00248-006-9050-z>
28. *California Compost Quality Council (CCQC) Compost Maturity Index*. (2001).  
[www.ccqc.org](http://www.ccqc.org)
29. Camacho, A. D., Martínez, L., Saad, H. R., Valenzuela, R., & Valdés, M. (2014). Potential of Different Microorganisms for Solid Waste Composting. *Terra Latinoamericana*, *32*, 291–300.
30. Camassola, M., & Dillon, a. J. P. (2009). Biological pretreatment of sugar cane bagasse for the production of cellulases and xylanases by *Penicillium echinulatum*. *Industrial Crops and Products*, *29*(2–3), 642–647.  
<https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2008.09.008>
31. Canene-Adams, K. (2013). General PCR. In *Methods in Enzymology* (Vol. 529, pp. 291–298). Academic Press Inc. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-418687-3.00024-0>
32. Cao, X., Williams, P. N., Zhan, Y., Coughlin, S. A., McGrath, J. W., Chin, J. P., & Xu, Y. (2023). Municipal solid waste compost: Global trends and biogeochemical cycling. *Soil & Environmental Health*, *1*(4), 100038.  
<https://doi.org/10.1016/J.SEH.2023.100038>
33. Castilho, L. R., Medronho, R. A., & Alves, T. L. M. (2000). Production and extraction of pectinases obtained by solid state fermentation of agroindustrial residues with *Aspergillus niger*. *Bioresource Technology*, *71*, 45–50.

34. Cerda, A., Artola, A., Font, X., Barrena, R., Gea, T., & Sánchez, A. (2018). Composting of food wastes: Status and challenges. *Bioresource Technology*, 248. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2017.06.133>
35. Chang, J. I., & Hsu, T. E. (2008). Effects of compositions on food waste composting. *Bioresource Technology*, 99(17), 8068–8074. <https://doi.org/10.1016/J.BIORTECH.2008.03.043>
36. Chen, M., Lan, X., Zhu, L., Ru, P., Liu, H., & Xu, W. (2023). Nucleic acid-aided molecular amplification techniques for food microorganism detection. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 165, 117116. <https://doi.org/10.1016/J.TRAC.2023.117116>
37. Cheng, H., & Hu, Y. (2010). Municipal solid waste (MSW) as a renewable source of energy: Current and future practices in China. In *Bioresource Technology* (Vol. 101, Number 11, pp. 3816–3824). <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.01.040>
38. Chua, R. W., Song, K. P., & Ting, A. S. Y. (2022). Antimicrobial activities and phytochemical screening of endophytic fungi isolated from Cymbidium and Dendrobium orchids. *South African Journal of Botany*, 151, 909–918. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2022.11.015>
39. Clarridge, J. E. (2004). Impact of 16S rRNA Gene Sequence Analysis for Identification of Bacteria on Clinical Microbiology and Infectious Diseases. *Clinical Microbiology Reviews*, 17(4), 840–862. <https://doi.org/10.1128/cmr.17.4.840-862.2004>
40. Cruz-Venegas, Y. (2009). *Evaluación de la calidad de composta elaborada con residuos sólidos orgánicos de origen urbano*. Universidad Autónoma Metropolitana.
41. Cytryn, E., Kautsky, L., Ofek, M., Mandelbaum, R. T., & Minz, D. (2011). Short-term structure and functional changes in bacterial community composition following amendment with biosolids compost. *Applied Soil Ecology*, 48(2), 160–167. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2011.03.010>
42. de Alencar Guimaraes, N. C., Sorgatto, M., Peixoto-Nogueira, S. de C., Betini, J. H. A., Zanoelo, F. F., Marques, M. R., de Moraes Polizeli, M. de L. T., & Giannesi, G. C. (2013). Bioprocess and biotechnology: effect of xylanase from *Aspergillus niger* and *Aspergillus flavus* on pulp biobleaching and enzyme production using agroindustrial residues as substract. *SpringerPlus*, 2(1). <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-380>
43. de Souza, C. J. A., Costa, D. A., Rodrigues, M. Q. R. B., dos Santos, A. F., Lopes, M. R., Abrantes, A. B. P., dos Santos Costa, P., Silveira, W. B., Passos, F. M. L., & Fietto, L. G. (2012). The influence of presaccharification, fermentation temperature and yeast strain on ethanol production from sugarcane bagasse. *Bioresource Technology*, 109, 63–69. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2012.01.024>
44. Dhillon, G. S., Kaur, S., & Brar, S. K. (2013). Perspective of apple processing wastes as low-cost substrates for bioproduction of high value products: A review. In

- Renewable and Sustainable Energy Reviews* (Vol. 27, pp. 789–805).  
<https://doi.org/10.1016/j.rser.2013.06.046>
45. Dhillon, G. S., Kaur, S., Brar, S. K., & Verma, M. (2012). Potential of apple pomace as a solid substrate for fungal cellulase and hemicellulase bioproduction through solid-state fermentation. *Industrial Crops and Products*, 38(1), 6–13.  
<https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2011.12.036>
  46. Díaz, A. B., Alvarado, O., de Ory, I., Caro, I., & Blandino, A. (2013). Valorization of grape pomace and orange peels: Improved production of hydrolytic enzymes for the clarification of orange juice. *Food and Bioprocess Technology*, 91(4), 580–586.  
<https://doi.org/10.1016/j.fbp.2013.01.007>
  47. Diaz, L. F., Savage, G. M., Eggerth, L. L., Rosenberg, Larry., Diaz, L. F., UNEP International Environmental Technology Centre., & CalRecovery, Inc. (2005). *Solid waste management*. United Nations Environment Programme.
  48. Dinél, H., Schnitzer, M., Paré, T., Lemee, L., Ambles, A., & Lafond, S. (2001). CHANGES IN LIPIDS AND STEROLS DURING COMPOSTING. *Journal of Environmental Science and Health, Part B*, 36(5), 651–665.  
<https://doi.org/10.1081/PFC-100106192>
  49. do Nascimento, M. M. F., de Hoog, G. S., Gomes, R. R., Furuie, J. L., Gelinski, J. M. L., Najafzadeh, M. J., Boeger, W. A. P., & Vicente, V. A. (2016). Shared Physiological Traits of Exophiala Species in Cold-Blooded Vertebrates, as Opportunistic Black Yeasts. *Mycopathologia*, 181(5–6), 353–362.  
<https://doi.org/10.1007/s11046-016-0001-z>
    - a. DOF. (2007). *Ley general para la prevención y gestión integral de los residuos*.
  50. Dos Santos, T. C., Gomes, D. P. P., Bonomo, R. C. F., & Franco, M. (2012). Optimisation of solid state fermentation of potato peel for the production of cellulolytic enzymes. *Food Chemistry*, 133(4), 1299–1304.  
<https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2011.11.115>
  51. DuBois, Michel., Gilles, K. A., Hamilton, J. K., Rebers, P. A., & Smith, Fred. (1956). Colorimetric Method for Determination of Sugars and Related Substances. *Analytical Chemistry*, 28(3), 350–356. <https://doi.org/10.1021/ac60111a017>
  52. Dutta, N., Mukhopadhyay, A., Dasgupta, A. K., & Chakrabarti, K. (2014). Improved production of reducing sugars from rice husk and rice straw using bacterial cellulase and xylanase activated with hydroxyapatite nanoparticles. *Bioresource Technology*, 153, 269–277. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2013.12.016>
  53. Ejileugha, C. (2022). Biochar can mitigate co-selection and control antibiotic resistant genes (ARGs) in compost and soil. *Heliyon*, 8.  
<https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2022.e09543>
  54. Estrada-Martínez, R., Carrillo-Sancen, G., Cerón-Montes, G. I., Garrido-Hernández, A., & Martínez-Valdez, F. J. (2021). Mathematical modeling for monitoring and

- controlling aerobic degradation conditions of the organic fraction of urban solid waste | Modelamiento matemático para el monitoreo y control de las condiciones de degradación aerobia de la fracción orgánica de los. *Revista Mexicana de Ingeniera Quimica*, 20(3). <https://doi.org/10.24275/rmiq/IA2479>
55. Estrella-González, M. J., López-González, J. A., Suárez-Estrella, F., López, M. J., Jurado, M. M., Siles-Castellano, A. B., & Moreno, J. (2020). Evaluating the influence of raw materials on the behavior of nitrogen fractions in composting processes on an industrial scale. *Bioresource Technology*, 303. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2020.122945>
  56. Fang, C., Su, Y., Zhuo, Q., Wang, X., Ma, S., Zhan, M., He, X., & Huang, G. (2024). Responses of greenhouse gas emissions to aeration coupled with functional membrane during industrial-scale composting of dairy manure: Insights into bacterial community composition and function. *Bioresource Technology*, 393. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2023.130079>
  57. FAO, W. H. O. (2024). *Manual on the Development and Use of FAO and WHO Specifications for Microbial Pesticides*. Rome and Geneva. doi.
  58. Fdez.-Güelfo, L. A., Álvarez-Gallego, C., Sales, D., & Romero, L. I. (2011). The use of thermochemical and biological pretreatments to enhance organic matter hydrolysis and solubilization from organic fraction of municipal solid waste (OFMSW). *Chemical Engineering Journal*, 168(1), 249–254. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2010.12.074>
  59. Fdz-Polanco, F., Fdz-Polanco, M., & García Encina, P. A. (2011). *Criterios para la selección de tecnología de digestión aerobia de residuos sólidos*.
  60. Forney, L. J., Zhou, X., & Brown, C. J. (2004). Molecular microbial ecology: Land of the one-eyed king. In *Current Opinion in Microbiology* (Vol. 7, Number 3, pp. 210–220). <https://doi.org/10.1016/j.mib.2004.04.015>
  61. Fourti, O. (2013). The maturity tests during the composting of municipal solid wastes. In *Resources, Conservation and Recycling* (Vol. 72, pp. 43–49). <https://doi.org/10.1016/j.resconrec.2012.12.001>
  62. Francou, C. (2003). *Stabilisation de la matiere organique au cours du compostage de déchets urbains: Influence de la nature des déchets et du procédé de compostage*.
  63. Francou, C., Linères, M., Derenne, S., Villio-Poitrenaud, M. Le, & Houot, S. (2008). Influence of green waste, biowaste and paper-cardboard initial ratios on organic matter transformations during composting. *Bioresource Technology*, 99(18), 8926–8934. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2008.04.071>
  64. Fransiska, D., Abdullah, A. H. D., Nurhayati, Irianto, H. E., Nissa, R. C., Sedayu, B. B., Syamani, F. A., Raharjo, S., Suwarti, & Agusman. (2024). Impact of agar–glycerol ratios on the physicochemical properties of biodegradable seaweed films: A compositional study. *International Journal of Biological Macromolecules*, 280, 135855. <https://doi.org/10.1016/J.IJBIOMAC.2024.135855>



65. Fricke, K., Santen, H., & Wallmann, R. (2005). Comparison of selected aerobic and anaerobic procedures for MSW treatment. *Waste Management*, 25(8), 799–810. <https://doi.org/10.1016/J.WASMAN.2004.12.018>
66. Gao, Y., Yuan, L., Du, J., Wang, H., Yang, X., Duan, L., Zheng, L., Bahar, M. M., Zhao, Q., Zhang, W., Liu, Y., Fu, Z., Wang, W., & Naidu, R. (2022). Bacterial community profile of the crude oil-contaminated saline soil in the Yellow River Delta Natural Reserve, China. *Chemosphere*, 289, 133207. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2021.133207>
67. García-Uitz, K., Cruz, J. C., León-Pech, M. G., Moreno-Andrade, I., Giacomán-Vallejos, G., & Ponce-Caballero, C. (2024). Isolation and characterization of microbial diversity in phenanthrene-degrading consortia in a pollution zone in Ciudad del Carmen, Mexico. *Revista Mexicana de Ingeniería Química*, 23(2). <https://doi.org/10.24275/rmiq/Bio24241>
68. Gautam, S. P., Bundela, P. S., Pandey, A. K., Khan, J., Awasthi, M. K., & Sarsaiya, S. (2011). Optimization for the Production of Cellulase Enzyme from Municipal Solid Waste Residue by Two Novel Cellulolytic Fungi. *Biotechnology Research International*, 2011, 1–8. <https://doi.org/10.4061/2011/810425>
- a. GDF. (2013). *Programa General de Desarrollo del Distrito Federal 2013-2018. Gaceta Oficial del Distrito Federal. 11 de septiembre de 2013.* [https://servidoresx3.finanzas.cdmx.gob.mx/documentos/ProgGralDesarrollo\\_2013\\_2018.pdf](https://servidoresx3.finanzas.cdmx.gob.mx/documentos/ProgGralDesarrollo_2013_2018.pdf)
69. Goldbeck, R., Ramos, M. M., Pereira, G. A. G., & Maugeri-Filho, F. (2013). Cellulase production from a new strain *Acremonium strictum* isolated from the Brazilian Biome using different substrates. *Bioresource Technology*, 128, 797–803. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2012.10.034>
70. Gomes, J., Zeni, J., Cence, K., Toniazzo, G., Treichel, H., & Valduga, E. (2011). Evaluation of production and characterization of polygalacturonase by *Aspergillus niger* ATCC 9642. *Food and Bioprocess Technology*, 89(4), 281–287. <https://doi.org/10.1016/j.fbp.2010.10.002>
71. Greff, B., Szigeti, J., Nagy, Á., Lakatos, E., & Varga, L. (2022). Influence of microbial inoculants on co-composting of lignocellulosic crop residues with farm animal manure: A review. *Journal of Environmental Management*, 302, 114088. <https://doi.org/10.1016/J.JENVMAN.2021.114088>
72. Grigatti, M., Cavani, L., & Ciavatta, C. (2011). The evaluation of stability during the composting of different starting materials: Comparison of chemical and biological parameters. *Chemosphere*, 83(1), 41–48. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2011.01.010>
73. Guo, R., Li, G., Jiang, T., Schuchardt, F., Chen, T., Zhao, Y., & Shen, Y. (2012). Effect of aeration rate, C/N ratio and moisture content on the stability and maturity

- of compost. *Bioresource Technology*, 112, 171–178.  
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2012.02.099>
74. Han, S. R., Lee, J. H., Kang, S., Park, H., & Oh, T. J. (2016). Complete genome sequence of opine-utilizing *Variovorax* sp. strain PAMC28711 isolated from an Antarctic lichen. *Journal of Biotechnology*, 225, 46–47.  
<https://doi.org/10.1016/J.JBIOTEC.2016.03.042>
75. Hasanimehr, M. H., Rad, H. A., Babaei, V., & Sharifzadeh Baei, M. (2011). Use of Municipal Solid Waste Compost and Waste Water Biosolids with Co-Composting Process. *World Applied Sciences Journal*, 14, 60–66.
76. Heerd, D., Yegin, S., Tari, C., & Fernandez-Lahore, M. (2012). Pectinase enzyme-complex production by *Aspergillus* spp. in solid-state fermentation: A comparative study. *Food and Bioprocess Processing*, 90(2), 102–110.  
<https://doi.org/10.1016/j.fbp.2011.08.003>
77. Hong Sunhee, F. C. E. (2016). Is it essential to sequence the entire 16S rRNA gene for bacterial identification? *Europeanpharmaceuticalreview.Com*, (December), 1–13.
78. Hoppert, L., Kölling, R., & Einfalt, D. (2022). Investigation of stress tolerance of *Pichia kudriavzevii* for high gravity bioethanol production from steam-exploded wheat straw hydrolysate. *Bioresource Technology*, 364, 128079.  
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.128079>
79. Horisawa, S., Sakuma, Y., Nakamura, Y., & Doi, S. (2008). Profiling of a microbial community under confined conditions in a fed-batch garbage decomposer by denaturing gradient gel electrophoresis. *Bioresource Technology*, 99(8), 3084–3093.  
<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2007.05.054>
80. Huang, D. L., Zeng, G. M., Feng, C. L., Hu, S., Lai, C., Zhao, M. H., Su, F. F., Tang, L., & Liu, H. L. (2010). Changes of microbial population structure related to lignin degradation during lignocellulosic waste composting. *Bioresource Technology*, 101(11), 4062–4067.  
<https://doi.org/10.1016/J.BIORTECH.2009.12.145>
81. İnce, M., İnce, E., & Topaloğlu, A. (2020). In Situ Respirometric Kinetic Analysis of a Thermophilic Jet Loop Bioreactor. *Applied Biochemistry and Microbiology*, 56(6). <https://doi.org/10.1134/S000368382006006X>
82. Iván, R., Novelo, M., René, E., Borges, C., Rosa, M., Riancho, S., Alberto, C., Franco, Q., Giacomán Vallejos, G., & Cisneros, B. J. (2009). Comparación de cuatro tratamientos fisicoquímicos de lixiviados. In *Rev. Int. Contam. Ambient* (Vol. 25, Number 3).
83. Janzen, H. H. (2004). Carbon cycling in earth systems—a soil science perspective. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 104(3), 399–417.  
<https://doi.org/10.1016/J.AGEE.2004.01.040>

84. Jiang, J., Huang, H., Huang, Y., Liu, X., & Liu, D. (2018). Relationship between maturity and microbial communities during pig manure composting by phospholipid fatty acid (PLFA) and correlation analysis. *Journal of Environmental Management*, 206. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2017.10.067>
85. Jindo, K., Sonoki, T., & Sánchez-Monedero, M. A. (2025). Stabilizing organic matter and reducing methane emissions during manure composting with biochar to strengthen the role of compost in soil health. *Soil & Environmental Health*, 3(4), 100164. <https://doi.org/10.1016/J.SEH.2025.100164>
86. Karak, T., Sonar, I., Nath, J. R., Paul, R. K., Das, S., Boruah, R. K., Dutta, A. K., & Das, K. (2015). Struvite for composting of agricultural wastes with termite mound: Utilizing the unutilized. *Bioresource Technology*, 187. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.03.070>
87. Kashiwa, T., Kozaki, T., Ishii, K., Turgeon, B. G., Teraoka, T., Komatsu, K., & Arie, T. (2017). Sequencing of individual chromosomes of plant pathogenic *Fusarium oxysporum*. *Fungal Genetics and Biology*, 98, 46–51. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2016.12.001>
88. Kaszab, E., Farkas, M., Radó, J., Micsinai, A., Nyíró-Fekete, B., Szabó, I., Kriszt, B., Urbányi, B., & Szoboszlai, S. (2021). Novel members of bacterial community during a short-term chilled storage of common carp (*Cyprinus carpio*). *Folia Microbiologica*, 67(2), 299–310. <https://doi.org/10.1007/s12223-021-00935-4>
89. Khan, A. L., Asaf, S., Khan, A. R., Al-Harrasi, A., Al-Rawahi, A., & Lee, I. J. (2016). First draft genome sequencing of indole acetic acid producing and plant growth promoting fungus *Preussia* sp. BSL10. *Journal of Biotechnology*, 225, 44–45. <https://doi.org/10.1016/J.JBIOTEC.2016.03.025>
90. Kim, J.-H., Choi, S. H., Park, M. G., Park, D. H., Son, K.-H., & Park, H.-Y. (2022). Biodegradation of polyurethane by Japanese carpenter bee gut-associated symbionts *Xanthomonas* sp. HY-71, and its potential application on bioconversion. *Environmental Technology & Innovation*, 28, 102822. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2022.102822>
91. Ko, H. G., Ho Park, S., Kim, H., Gu Park, H., & Park, M. (2005). Detection and Recovery of Hydrolytic Enzymes from Spent Compost of Four Mushroom Species. In *Folia Microbiol* (Vol. 50, Number 2). <http://www.biomed.cas.cz/mbu/fovia/>
92. Komilis, D., Kontou, I., & Ntougias, S. (2011). A modified static respiration assay and its relationship with an enzymatic test to assess compost stability and maturity. *Bioresource Technology*, 102(10), 5863–5872. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2011.02.021>
93. Komilis, D. P., Ham, R. K., & Stegmann, R. (1999). The effect of municipal solid waste pretreatment on landfill behavior: a literature review. *Waste Management & Research*, 17(1), 10–19. <https://doi.org/10.1177/0734242X9901700103>

94. Krizova, L., Maixnerova, M., Sedo, O., & Nemecek, A. (2015). *Acinetobacter albensis* sp. nov., isolated from natural soil and water ecosystems. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65(Pt\_11), 3905–3912. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000511>
95. Kumar Singh, Y., Kalamdhad, A. S., Ali, M., & Kazmi, a. a. (2009). Maturation of primary stabilized compost from rotary drum composter. *Resources, Conservation and Recycling*, 53(7), 386–392. <https://doi.org/10.1016/j.resconrec.2009.02.004>
96. Lee, H., Jang, Y., Lee, Y. M., Lee, H., Kim, G.-H., & Kim, J.-J. (2015). Enhanced removal of PAHs by *Peniophora incarnata* and ascertainment of its novel ligninolytic enzyme genes. *Journal of Environmental Management*, 164, 10–18. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2015.08.036>
97. Lemus, G. R., & Lau, A. K. (2002). Biodegradation of lipidic compounds in synthetic food wastes during composting. *Canadian Biosystems Engineering*, 44, 33.
98. Li, C., Zhang, W., Mao, L., Yin, D., Niu, D., Taoli, H., Wang, C., Liu, Q., & Ren, J. (2025). Immobilization of *Peniophora incarnata* F1 in PVA-SA-biochar matrix and its degradation performance and mechanism for erythromycin degradation. *Journal of Environmental Management*, 375. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2025.124297>
99. Li, H., Yang, Z., Zhang, C., Shang, W., Zhang, T., Chang, X., Wu, Z., & He, Y. (2024). Effect of microbial inoculum on composting efficiency in the composting process of spent mushroom substrate and chicken manure. *Journal of Environmental Management*, 353, 120145. <https://doi.org/10.1016/J.JENVMAN.2024.120145>
100. Liang, C., Das, K. C., & McClendon, R. W. (2003). The influence of temperature and moisture contents regimes on the aerobic microbial activity of a biosolids composting blend. *Bioresource Technology*, 86, 131–137.
101. Liang, L., Wang, P., Zhao, X., He, L., Qu, T., & Chen, Y. (2022). Single-molecule real-time sequencing reveals differences in bacterial diversity in raw milk in different regions and seasons in China. *Journal of Dairy Science*, 105(7), 5669–5684. <https://doi.org/10.3168/JDS.2021-21445>
102. Lin, C., Cheruiyot, N. K., Bui, X. T., & Ngo, H. H. (2022). Composting and its application in bioremediation of organic contaminants. In *Bioengineered* (Vol. 13, Number 1, pp. 1073–1089). Taylor and Francis Ltd. <https://doi.org/10.1080/21655979.2021.2017624>
103. Lin, T., Li, L., Gu, X., Owusu, A. M., Li, S., Han, S., Cao, G., Zhu, T., & Li, S. (2023). Seasonal variations in the composition and diversity of rhizosphere soil microbiome of bamboo plants as infected by soil-borne pathogen and screening of associated antagonistic strains. *Industrial Crops and Products*, 197, 116641. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2023.116641>
104. Liu, Q., Huang, B., Hu, S., Shi, Z., Wu, J., Zhang, Y., & Kong, W. (2024). Effects of initial corncob particle size on the short-term composting for preparation of

- cultivation substrates for *Pleurotus ostreatus*. *Environmental Research*, 248, 118333. <https://doi.org/10.1016/J.ENVRES.2024.118333>
105. Liu, W., Li, L., Khan, Md. A., & Zhu, F. (2012). Popular molecular markers in bacteria. *Molecular Genetics, Microbiology and Virology*, 27(3), 103–107. <https://doi.org/10.3103/S0891416812030056>
  106. Longchamps, L. L., Arpin, M.-L., & St-Aubin, C.-H. (2025). Mapping the Scientific Landscape of Organic Fraction of Municipal Solid Waste Recycling: A Bibliometric Analysis (2005-2024). *Cleaner Waste Systems*, 100435. <https://doi.org/10.1016/J.CLWAS.2025.100435>
  107. Luan, H., Zhang, Y., Qiu, W., Zhang, X., Liu, M., Feng, W., Xu, W., Wang, F., Xuan, H., & Song, P. (2025). Research progress on microbial pesticides. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 213, 106512. <https://doi.org/10.1016/J.PESTBP.2025.106512>
  108. Mackenzie, C. R., Bilous, D., Schneider, H., & Johnson, K. G. (1987). Induction of Cellulolytic and Xylanolytic Enzyme Systems in *Streptomyces* spp. *Applied and Environmental Microbiology*, 53(12), 2835–2839.
  109. Madani, R. M., Liang, J., Cui, L., Zhang, D., Otitoju, T. A., Elsalahi, R. H., & Song, X. (2021). Novel simultaneous anaerobic ammonium and sulfate removal process: A review. *Environmental Technology & Innovation*, 23, 101661. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2021.101661>
  110. Maeda, K., Hanajima, D., Morioka, R., & Osada, T. (2010). Characterization and spatial distribution of bacterial communities within passively aerated cattle manure composting piles. *Bioresource Technology*, 101(24), 9631–9637. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.07.057>
  111. Mahapatra, S., Ali, Md. H., & Samal, K. (2022). Assessment of compost maturity-stability indices and recent development of composting bin. *Energy Nexus*, 6. <https://doi.org/10.1016/j.nexus.2022.100062>
  112. Mahar, R. B., Yue, D., Liu, J., Zhang, Y., & Nie, Y. (2009). Biological pretreatment of municipal solid waste prior to landfilling. *Global NEST Journal*, 11(4), 510–517.
  113. Mamma, D., Kourtoglou, E., & Christakopoulos, P. (2008). Fungal multienzyme production on industrial by-products of the citrus-processing industry. *Bioresource Technology*, 99(7), 2373–2383. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2007.05.018>
  114. Martínez-Valdez, F. J., Martínez-Ramírez, C., Martínez-Montiel, L., Favela-Torres, E., Soto-Cruz, N. O., Ramírez-Vives, F., & Saucedo-Castañeda, G. (2015). Rapid mineralisation of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste. *Bioresource Technology*, 180, 112–118. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2014.12.083>
  115. Martín-Gil, J., Navas-Gracia, L. M., Gómez-Sobrino, E., Correa-Guimaraes, A., Hernández-Navarro, S., Sánchez-Báscones, M., & del Carmen Ramos-Sánchez, M. (2008). Composting and vermicomposting experiences in the treatment and

- bioconversion of asphaltens from the Prestige oil spill. *Bioresource Technology*, 99(6), 1821–1829. <https://doi.org/10.1016/J.BIORTECH.2007.03.031>
116. Mason, I. G. (2007). *A study of power, kinetics and modelling in the composting process*. University of Canterbury.
117. Maturano, Y. P., Rodríguez Assaf, L. A., Toro, M. E., Nally, M. C., Vallejo, M., Castellanos de Figueroa, L. I., Combina, M., & Vazquez, F. (2012). Multi-enzyme production by pure and mixed cultures of *Saccharomyces* and non-*Saccharomyces* yeasts during wine fermentation. *International Journal of Food Microbiology*, 155(1–2), 43–50. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.01.015>
118. McGarvey, J. A., Miller, W. G., Zhang, R., Ma, Y., & Mitloehner, F. (2007). Bacterial population dynamics in dairy waste during aerobic and anaerobic treatment and subsequent storage. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(1), 193–202. <https://doi.org/10.1128/AEM.01422-06>
119. Methods, T., Resources, C., & Bulletin, T. (n.d.). *Test Methods for the Examination of Composting and Compost Purpose Overview of TMECC Development*. (December 1995).
120. Miller, G. L., Blum, R., Glennon, W. E., & Burton, A. L. (1960). Measurement of carboxymethylcellulase activity. *Analytical Biochemistry*, 1(2), 127–132. [https://doi.org/10.1016/0003-2697\(60\)90004-X](https://doi.org/10.1016/0003-2697(60)90004-X)
121. Miller Gail L. (1959). Use of DNS acid reagent for determination of reducing sugar. *Analytical Chemistry*, 31, 426–428.
122. Mironov, V., Vanteeva, A., & Merkel, A. (2021). Microbiological activity during co-composting of food and agricultural waste for soil amendment. *Agronomy*, 11(5). <https://doi.org/10.3390/agronomy11050928>
123. Mitchell, D. A., Von Meien, O. F., Krieger, N., & Dalsenter, F. D. H. (2004). A review of recent developments in modeling of microbial growth kinetics and intraparticle phenomena in solid-state fermentation. *Biochemical Engineering Journal*, 17(1), 15–26. [https://doi.org/10.1016/S1369-703X\(03\)00120-7](https://doi.org/10.1016/S1369-703X(03)00120-7)
124. Mp, P. A., Kumar Awasthi, M., & Sarsaiya, S. (2010). *Effect of different carbon sources on production of Cellulases by Aspergillus niger*. <https://www.researchgate.net/publication/49595880>
125. Nakasaki, K., Nagasaki, K., & Ariga, O. (2004). Degradation of Fats during Thermophilic Composting of Organic Waste. *Waste Management & Research*, 22(4), 276–282. <https://doi.org/10.1177/0734242X04045430>
126. Neilson, J. W., Jordan, F. L., & Maier, R. M. (2013). Analysis of artifacts suggests DGGE should not be used for quantitative diversity analysis. *Journal of Microbiological Methods*, 92(3), 256–263. <https://doi.org/10.1016/J.MIMET.2012.12.021>
127. Nisar, K., Abdullah, R., Kaleem, A., Iqtedar, M., Aftab, M., & Saleem, F. (2022). Purification, characterization and thermodynamic analysis of cellulases produced

- from *Thermomyces dupontii* and its industrial applications. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 29(12), 103483. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.103483>
128. Noor, R. S., Shah, A. N., Tahir, M. B., Umair, M., Nawaz, M., Ali, A., Ercisli, S., Abdelsalam, N. R., Ali, H. M., Yang, S. H., Ullah, S., & Assiri, M. A. (2024). Recent Trends and Advances in Additive-Mediated Composting Technology for Agricultural Waste Resources: A Comprehensive Review. In *ACS Omega* (Vol. 9, Number 8, pp. 8632–8653). American Chemical Society. <https://doi.org/10.1021/acsomega.3c06516>
129. Nordahl, S. L., Preble, C. V., Kirchstetter, T. W., & Scown, C. D. (2023). Greenhouse Gas and Air Pollutant Emissions from Composting. *Environmental Science & Technology*, 57(6), 2235–2247. <https://doi.org/10.1021/acs.est.2c05846>
130. Okori, F., Lederer, J., Komakech, A. J., Schwarzböck, T., & Fellner, J. (2024). Plastics and other extraneous matter in municipal solid waste compost: A systematic review of sources, occurrence, implications, and fate in amended soils. *Environmental Advances*, 15, 100494. <https://doi.org/10.1016/J.ENVADV.2024.100494>
131. Oliveira, M., & Azevedo, L. (2022). Molecular Markers: An Overview of Data Published for Fungi over the Last Ten Years. *Journal of Fungi*, 8(8). <https://doi.org/10.3390/jof8080803>
132. Oliynyk, M., Samborsky, M., Lester, J. B., Mironenko, T., Scott, N., Dickens, S., Haydock, S. F., & Leadlay, P. F. (2007). Complete genome sequence of the erythromycin-producing bacterium *Saccharopolyspora erythraea* NRRL23338. *Nature Biotechnology*, 25(4), 447–453. <https://doi.org/10.1038/nbt1297>
133. Ortiz, G. E., Guitart, M. E., Albertó, E., Fernández Lahore, H. M., & Blasco, M. (2014). Microplate assay for endo-polygalacturonase activity determination based on ruthenium red method. *Analytical Biochemistry*, 454, 33–35. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2014.02.028>
134. Pandey, A., Selvakumar, P., Soccol, C. R., & Nigam, P. (1999). Solid state fermentation for the production of industrial enzymes. *Fermentation - Science & Technology*, 77(1), 149–162.
135. Pandey, P., Chowdhury, D., & Wang, Y. (2024). Denaturing Gradient Gel Electrophoresis Approach for Microbial Shift Analysis in Thermophilic and Mesophilic Anaerobic Digestions. *Gels*, 10(5), 339. <https://doi.org/10.3390/gels10050339>
136. Partanen, P., Hultman, J., Paulin, L., Auvinen, P., & Romantschuk, M. (2010). Bacterial diversity at different stages of the composting process. *BMC Microbiology*, 10, 94. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-10-94>
137. Pascon, R. C., Bergamo, R. F., Spinelli, R. X., de Souza, E. D., Assis, D. M., Juliano, L., & Vallim, M. A. (2011). Amylolytic microorganism from são paulo zoo

- composting: isolation, identification, and amylase production. *Enzyme Research*, 2011, 679624. <https://doi.org/10.4061/2011/679624>
138. Perkin Elmer Company. (2005). *Protocol-OHHW CHNS/O Analyser 2400 Series II*.
139. Piña-Maldonado O. (2009). *Evaluacion del uso de compostaje y digestión aerobia en el tratamiento de RSO*. Universidad Autónoma Metropolitana.
140. Pirt, S. J. (1965). The maintenance energy of bacteria in growing cultures. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 163(991), 224–231.
141. Pirt, S. J. (1982). Maintenance energy: a general model for energy-limited and energy-sufficient growth. *Archives of Microbiology*, 133(4), 300–302. <https://doi.org/10.1007/BF00521294>
142. Piterina, A. V., & Pembroke, J. T. (2013). Use of PCR-DGGE Based Molecular Methods to Analyse Microbial Community Diversity and Stability during the Thermophilic Stages of an ATAD Wastewater Sludge Treatment Process as an Aid to Performance Monitoring. *ISRN Biotechnology*, 2013, 162645. <https://doi.org/10.5402/2013/162645>
143. Ponsá, S., Puyuelo, B., Gea, T., & Sánchez, A. (2011). Modelling the aerobic degradation of organic wastes based on slowly and rapidly degradable fractions. *Waste Management*, 31(7), 1472–1479. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2011.02.013>
144. Poppel, M. T., Skiebe, E., Laue, M., Bergmann, H., Ebersberger, I., Garn, T., Fruth, A., Baumgardt, S., Busse, H.-J., & Wilharm, G. (2016). *Acinetobacter equi* sp. nov., isolated from horse faeces. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(2), 881–888. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000806>
145. Prasad, B., & Suresh, S. (2012). Biodegradation of Phthalate Esters by *Variovorax* sp. *APCBEE Procedia*, 1, 16–21. <https://doi.org/10.1016/J.APCBEE.2012.03.004>
146. Pulami, D., Kämpfer, P., & Glaeser, S. P. (2023). High diversity of the emerging pathogen *Acinetobacter baumannii* and other *Acinetobacter* spp. in raw manure, biogas plants digestates, and rural and urban wastewater treatment plants with system specific antimicrobial resistance profiles. *Science of The Total Environment*, 859, 160182. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.160182>
147. Qian, J., Wang, Y., Hu, Z., Shi, T., Wang, Y., Ye, C., & Huang, H. (2023). *Bacillus* sp. as a microbial cell factory: Advancements and future prospects. *Biotechnology Advances*, 69, 108278. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2023.108278>
148. Rahman, A., Islam, R., Al-Reza, S. M., & Kang, S. C. (2014). In vitro control of plant pathogenic *Xanthomonas* spp. using *Poncirus trifoliata* Rafin. *EXCLI Journal*, 13, 1104–1110.



149. Raj, D., & Antil, R. S. (2011). Evaluation of maturity and stability parameters of composts prepared from agro-industrial wastes. *Bioresource Technology*, *102*(3), 2868–2873. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.10.077>
150. Rastogi, M., Nandal, M., & Khosla, B. (2020). Microbes as vital additives for solid waste composting. In *Heliyon* (Vol. 6, Number 2). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e03343>
151. Rodicio, M. D. R., & Mendoza, M. D. C. (2004). Identificación bacteriana mediante secuenciación del ARNr 16S: fundamento, metodología y aplicaciones en microbiología clínica. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, *22*(4), 238–245. <https://doi.org/10.1157/13059055>
152. Rodríguez P. R. I. 2009. Degradación y estabilización de residuos sólidos urbanos. Tesis para obtener el grado de especialización en Biotecnología. Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa. México.
153. Said-Pullicino, D., Erriquens, F. G., & Gigliotti, G. (2007). Changes in the chemical characteristics of water-extractable organic matter during composting and their influence on compost stability and maturity. *Bioresource Technology*, *98*(9), 1822–1831. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2006.06.018>
154. Sánchez Arias, V., Fernández, F. J., Rodríguez, L., & Villaseñor, J. (2012). Respiration indices and stability measurements of compost through electrolytic respirometry. *Journal of Environmental Management*, *95*(SUPPL.), S134–S138. <https://doi.org/10.1016/J.JENVMAN.2010.10.053>
155. Sánchez-Monedero, M. A., Roig, A., Paredes, C., & Bernal, M. P. (2001). Nitrogen transformation during organic waste composting by the Rutgers system and its effects on pH, EC and maturity of the composting mixtures. *Bioresource Technology*, *78*(3), 301–308. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0960-8524\(01\)00031-1](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0960-8524(01)00031-1)
156. Sanguinetti, C. J., Neto, E. D., & Simpson, a. J. G. (1994). Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. *BioTechniques*, *17*(5).
157. Sardarmehni, M., Levis, J. W., & Barlaz, M. A. (2021). What Is the Best End Use for Compost Derived from the Organic Fraction of Municipal Solid Waste? *Environmental Science & Technology*, *55*(1), 73–81. <https://doi.org/10.1021/acs.est.0c04997>
158. Saucedo-Castañeda, G., Trejo-Hernández, M. R., Lonsane, B. K., Navarro, J. M., Roussos, S., Dufour, D., & Raimbault, M. (1994). On-line automated monitoring and control systems for CO<sub>2</sub> and O<sub>2</sub> in aerobic and anaerobic solid-state fermentations. *Process Biochemistry*, *29*(1), 13–24. [https://doi.org/10.1016/0032-9592\(94\)80054-5](https://doi.org/10.1016/0032-9592(94)80054-5)
159. Saygin, H., Ay, H., Guven, K., Inan-Bektas, K., Cetin, D., & Sahin, N. (2021a). *Saccharopolyspora karakumensis* sp. nov., *Saccharopolyspora elongata* sp. nov.,

- Saccharopolyspora aridisoli sp. nov., Saccharopolyspora terrae sp. nov. and their biotechnological potential revealed by genome analysis. *Systematic and Applied Microbiology*, 44(6), 126270. <https://doi.org/10.1016/J.SYAPM.2021.126270>
160. Saygin, H., Ay, H., Guven, K., Inan-Bektas, K., Cetin, D., & Sahin, N. (2021b). Saccharopolyspora karakumensis sp. nov., Saccharopolyspora elongata sp. nov., Saccharopolyspora aridisoli sp. nov., Saccharopolyspora terrae sp. nov. and their biotechnological potential revealed by genome analysis. *Systematic and Applied Microbiology*, 44(6), 126270. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2021.126270>
161. Scheller, H. V., & Ulvskov, P. (2010). Hemicelluloses. *Annual Review of Plant Biology*, 61(Volume 61, 2010), 263–289. <https://doi.org/https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042809-112315>
162. Scott, J. A., & Untereiner, W. A. (2004). Determination of keratin degradation by fungi using keratin azure. *Medical Mycology*, 42(3), 239–246. <https://doi.org/10.1080/13693780310001644680>
163. SEDEMA. (2023). *Solid waste inventory*.
164. CIEMAD. (2016). *Diagnóstico actual del flujo de residuos sólidos urbanos que se genera en el Distrito Federal*. [http://centro.paot.org.mx/documentos/paot/estudios/flujo\\_residuos\\_DF.pdf](http://centro.paot.org.mx/documentos/paot/estudios/flujo_residuos_DF.pdf)
165. SEMARNAT. (2012). NADF-020-AMBT-2012. In *Gaceta Oficial del Distrito Federal* (pp. 69–83). Secretaría del medio ambiente. [http://data.sedema.cdmx.gob.mx/padla/images/stories/normatividaddf/nadf\\_020\\_ambt\\_2011.pdf](http://data.sedema.cdmx.gob.mx/padla/images/stories/normatividaddf/nadf_020_ambt_2011.pdf)
166. SEMARNAT. (2021). *Basic diagnosis of the integral management of waste*. [www.gob.mx/inecc](http://www.gob.mx/inecc)
167. Serrano-Ramírez, R. del P., Zenteno-Rojas, A., Pérez-Hernández, V., Reyes-Vallejo, O., Vásquez-Hernández, S., Torres-Ventura, H. H., González-Reyes, M. M., Montejo-López, W., Cruz-Salomón, A., & Montes-Molina, J. A. (2025). Fungal community dynamics and pathogenic risk in composting, vermicomposting and leachate systems amended with rabbit manure. *Electronic Journal of Biotechnology*, 77, 1–11. <https://doi.org/10.1016/J.EJBT.2025.05.002>
168. Sethi, D., Kusumavathi, K., Ravindran, B., Panda, N., Padhan, K., Dash, S., Sahoo, T. R., Mangaraj, S., Dhal, A., Swain, S. K., Sarkar, S., Pattanayak, S. K., & Febrisiantosa, A. (2023). Bioconversion of organic wastes into wealth by vermitechnology: a review. In *Recent Trends in Solid Waste Management*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-443-15206-1.00009-8>
169. Shamma, N. K., & Wang, L. K. (2007). *6 Aerobic Digestion*. <https://doi.org/10.1007/978-1-60327-156-1>
170. Sharaf, E. F., & Khalil, N. M. (2011). Keratinolytic activity of purified alkaline keratinase produced by *Scopulariopsis brevicaulis* (Sacc.) and its amino acids

- profile. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 18(2), 117–121.  
<https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2010.12.011>
171. Silva, L. C., Kupski, L., Beserra da Silva de Souza, S., & Bolanho Barros, B. C. (2024). Influence of fermentation conditions by *Rhizopus oryzae* on the release of phenolic compounds, composition, and properties of brewer's spent grain. *Food Bioscience*, 61, 104591. <https://doi.org/10.1016/J.FBIO.2024.104591>
  172. Singer, A. C., Van Der Gast, C. J., & Thompson, I. P. (2005). Perspectives and vision for strain selection in bioaugmentation. *Trends in Biotechnology*, 23(2), 74–77. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2004.12.012>
  173. Skóra, M., Macura, A. B., & Bulanda, M. (2014). In vitro antifungal susceptibility of *Scopulariopsis brevicaulis* isolates. *Medical Mycology*, 52(7), 723–727. <https://doi.org/10.1093/mmy/myu039>
  174. Smith, K. A., Smith, K. A., & Conen, F. (2004). Impacts of land management on fluxes of trace greenhouse gases. *Soil Use and Management*, 20(2), 255–263. <https://doi.org/10.1079/sum2004238>
  175. Sobiecka, E., Cedzynska, K., Bielski, C., & Antizar-Ladislao, B. (2009). Biological treatment of transformer oil using commercial mixtures of microorganisms. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 63(3), 328–333. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2008.06.007>
  176. Soltani, N., Bahrami, A., Pech-Canul, M. I., & González, L. A. (2015). Review on the physicochemical treatments of rice husk for production of advanced materials. In *Chemical Engineering Journal* (Vol. 264, pp. 899–935). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2014.11.056>
  177. Strathdee, F., & Free, A. (2013). Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE). *Methods in Molecular Biology*, 1054, 145–157. [https://doi.org/10.1007/978-1-62703-565-1\\_9](https://doi.org/10.1007/978-1-62703-565-1_9)
  178. Su, Y., Wang, S., Yu, X., Tang, S., & Tian, C. (2025). Low-temperature biochar for improving composting process via regulation of enzymatic stoichiometry and microbial community succession. *Process Biochemistry*, 157, 318–330. <https://doi.org/10.1016/J.PROCBIO.2025.08.004>
  179. Sun, Y., Liu, X., Sun, L., Men, M., Wang, B., Deng, L., Zhao, L., Han, Y., Jong, C., Bi, R., Zhao, M., Li, X., Liu, W., Shi, S., Gai, Z., & Xu, X. (2022). Microecological insight to fungal structure and key fungal communities regulating nitrogen transformation based on spatial heterogeneity during cow manure composting by multi-angle and multi-aspect analyses. *Waste Management*, 142, 132–142. <https://doi.org/10.1016/J.WASMAN.2022.02.013>
  180. Sundberg, C., Franke-whittle, I. H., Kauppi, S., Yu, D., Romantschuk, M., Insam, H., Sciences, A., & Sciences, E. (2011). *Bioresource Technology for composting*. 102(3), 2859–2867.

181. Thompson, W. H., Legee, P. B., Millner, P. D., & Watson, M. E. (2001). *Test Methods for the Examination of Composting and Compost Purpose* (M. D. Bethesda, Ed.). <http://tmecc.org/sta/>
182. Tiquia, S. M., Richard, T. L., & Honeyman, M. S. (2002). Carbon, nutrient, and mass loss during composting. In *Nutrient Cycling in Agroecosystems* (Vol. 62).
183. Tiquia, S. M., Wan, J. H. C., & Tam, N. F. Y. (2001). Extracellular enzyme profiles during co-composting of poultry manure and yard trimmings. In *Process Biochemistry* (Vol. 36). [www.elsevier.com/locate/procbio](http://www.elsevier.com/locate/procbio)
184. Tiralerdpanich, P., Nasaree, S., Pinyakong, O., & Sonthiphand, P. (2021). Variation of the mangrove sediment microbiomes and their phenanthrene biodegradation rates during the dry and wet seasons. *Environmental Pollution*, 289, 117849. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.117849>
185. Tognetti, C., Mazzarino, M. J., & Laos, F. (2007). Improving the quality of municipal organic waste compost. *Bioresource Technology*, 98(5), 1067–1076. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2006.04.025>
186. Tolouee, M., Alinezhad, S., Saberi, R., Eslamifar, A., Zad, S. J., Jaimand, K., Taeb, J., Rezaee, M. B., Kawachi, M., Shams-Ghahfarokhi, M., & Razzaghi-Abyaneh, M. (2010). Effect of *Matricaria chamomilla* L. flower essential oil on the growth and ultrastructure of *Aspergillus niger* van Tieghem. *International Journal of Food Microbiology*, 139(3), 127–133. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2010.03.032>
187. Tu Anh, P. N., Thu Hang, P. T., Quynh Tram, L. T., Minh, N. T., & Dang Khoa, D. H. (2018). Comparison efficacy of ITS and 18S rDNA primers for funal diversity in compost material by PCR-DGGE technique. *Vietnam Journal of Biotechnology*, 15(4). <https://doi.org/10.15625/1811-4989/15/4/13416>
188. United States Environmental Protection Agency. (2006). *Facts and Figures Municipal Solid Waste in The United States*. [www.epa.gov](http://www.epa.gov)
189. Unmar, G., & Mohee, R. (2008). Assessing the effect of biodegradable and degradable plastics on the composting of green wastes and compost quality. *Bioresource Technology*, 99(15), 6738–6744. <https://doi.org/10.1016/J.BIORTECH.2008.01.016>
190. *US Composting Council*. (2023). Compost Characteristics. <https://www.compostingcouncil.org/page/CompostCharacteristics?&hhsearchterms=%22compost+and+characteristics%22>
191. Usyk, M., Zolnik, C. P., Patel, H., Levi, M. H., & Burk, R. D. (2017). Novel ITS1 Fungal Primers for Characterization of the Mycobiome. *MSphere*, 2(6), 10.1128/msphere.00488-17. <https://doi.org/10.1128/msphere.00488-17>
192. Van Den Brink, J., & De Vries, R. P. (2011). Fungal enzyme sets for plant polysaccharide degradation. In *Applied Microbiology and Biotechnology* (Vol. 91, Number 6, pp. 1477–1492). <https://doi.org/10.1007/s00253-011-3473-2>

193. Van Gestel, K., Mergaert, J., Swings, J., Coosemans, J., & Ryckeboer, J. (2003). Bioremediation of diesel oil-contaminated soil by composting with biowaste. *Environmental Pollution*, *125*(3), 361–368. [https://doi.org/10.1016/S0269-7491\(03\)00109-X](https://doi.org/10.1016/S0269-7491(03)00109-X)
194. Villaseñor, J., Pérez, M. A., Fernández, F. J., & Puchalski, C. M. (2011). Monitoring respiration and biological stability during sludge composting with a modified dynamic respirometer. *Bioresource Technology*, *102*(11), 6562–6568. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2011.03.080>
195. Vinzant, T. B., Adney, W. S., Grohmann, K., & Rivard, C. J. (n.d.). *Aerobic and Anaerobic Digestion of Processed Municipal Solid Waste Effects of Retention Time on Cellulose Degradation Scientific Note*.
196. Wang, X., Pan, S., Zhang, Z., Lin, X., Zhang, Y., & Chen, S. (2017). Effects of the feeding ratio of food waste on fed-batch aerobic composting and its microbial community. *Bioresource Technology*, *224*. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2016.11.076>
197. Wang, Y., & Qian, P.-Y. (2009). Conservative Fragments in Bacterial 16S rRNA Genes and Primer Design for 16S Ribosomal DNA Amplicons in Metagenomic Studies. *PLoS ONE*, *4*(10), e7401. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0007401>
198. Wei, Y., Li, J., Shi, D., Liu, G., Zhao, Y., & Shimaoka, T. (2017). Environmental challenges impeding the composting of biodegradable municipal solid waste: A critical review. *Resources, Conservation and Recycling*, *122*, 51–65. <https://doi.org/10.1016/J.RESCONREC.2017.01.024>
199. Wensel, C. R., Pluznick, J. L., Salzberg, S. L., & Sears, C. L. (2022). Next-generation sequencing: insights to advance clinical investigations of the microbiome. In *Journal of Clinical Investigation* (Vol. 132, Number 7). American Society for Clinical Investigation. <https://doi.org/10.1172/JCI154944>
200. White, T. J., Bruns, T., Lee, S., & Taylor, J. (1990). Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR Protocols*, 315–322. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-372180-8.50042-1>
201. Whiteside, M. D., Werner, G. D. A., Caldas, V. E. A., van't Padje, A., Dupin, S. E., Elbers, B., Bakker, M., Wyatt, G. A. K., Klein, M., Hink, M. A., Postma, M., Vaitla, B., Noë, R., Shimizu, T. S., West, S. A., & Kiers, E. T. (2019). Mycorrhizal Fungi Respond to Resource Inequality by Moving Phosphorus from Rich to Poor Patches across Networks. *Current Biology*, *29*(12), 2043-2050.e8. <https://doi.org/10.1016/J.CUB.2019.04.061>
202. Wilfinger, W. W., Mackey, K., & Chomczynski, P. (1997). 260/280 and 260/230 Ratios NanoDrop® ND-1000 and ND-8000 8-Sample Spectrophotometers. *BioTechniques*, *22*, 474–481.
203. Wu, J., Shangguan, H., Fu, T., Chen, J., Tang, J., Zeng, R. J., Ye, W., & Zhou, S. (2021). Alternating magnetic field mitigates N<sub>2</sub>O emission during the aerobic

- composting of chicken manure. *Journal of Hazardous Materials*, 406, 124329. <https://doi.org/10.1016/J.JHAZMAT.2020.124329>
204. Wu, J., Zhang, Q., Deng, W., Qian, J., Zhang, S., & Liu, W. (2011). Toward improvement of erythromycin a production in an industrial *Saccharopolyspora erythraea* strain via facilitation of genetic manipulation with an artificial attB site for specific recombination. *Applied and Environmental Microbiology*, 77(21), 7508–7516. <https://doi.org/10.1128/AEM.06034-11>
205. Wu, R., Long, M., Tai, X., Wang, J., Lu, Y., Sun, X., Tang, D., & Sun, L. (2022). Microbiological inoculation with and without biochar reduces the bioavailability of heavy metals by microbial correlation in pig manure composting. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 248, 114294. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2022.114294>
206. Xi, B., He, X., Dang, Q., Yang, T., Li, M., Wang, X., Li, D., & Tang, J. (2015). Effect of multi-stage inoculation on the bacterial and fungal community structure during organic municipal solid wastes composting. *Bioresource Technology*, 196, 399–405. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.07.069>
207. Xiao, Y., Zeng, G.-M., Yang, Z.-H., Shi, W.-J., Huang, C., Fan, C.-Z., & Xu, Z.-Y. (2009). Continuous thermophilic composting (CTC) for rapid biodegradation and maturation of organic municipal solid waste. *Bioresource Technology*, 100(20), 4807–4813. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2009.05.013>
208. Xiao, Z., Storms, R., & Tsang, A. (2005). Microplate-based carboxymethylcellulose assay for endoglucanase activity. *Analytical Biochemistry*, 342(1), 176–178. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2005.01.052>
209. Yamamoto, N., & Nakai, Y. (2019). *Microbial Community Dynamics During the Composting Process of Animal Manure as Analyzed by Molecular Biological Methods*. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-10777-2\\_6](https://doi.org/10.1007/978-3-030-10777-2_6)
210. Yangin Gomec, C., Ersahin, M. E., Dereli, R. K., Arikan, O., & Ozturk, I. (2011). Biomethane production as an alternative bioenergy source from codigesters treating municipal sludge and organic fraction of municipal solid wastes. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, 2011. <https://doi.org/10.1155/2011/953065>
211. Yu, G., Fadrosh, D., Goedert, J. J., Ravel, J., & Goldstein, A. M. (2015). Nested PCR biases in interpreting microbial community structure in 16S rRNA gene sequence datasets. *PLoS ONE*, 10(7). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0132253>
212. Zach, A., Binner, E., & Latif, M. (2000). *Improvement of municipal solid waste quality for landfilling by means of mechanical-biological pretreatment*.
213. Zhan, J., Liu, Q., Chen, J., & Pang, X. (2025). New insights into *Peniophora crassitunicata* and its co-inoculation with commercial microbial inoculant accelerating lignocellulose degradation and compost maturation during orchard wastes composting. *Environmental Research*, 274. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2025.121298>

214. Zhang, X., Zhong, Y., Yang, S., Zhang, W., Xu, M., Ma, A., Zhuang, G., Chen, G., & Liu, W. (2014). Diversity and dynamics of the microbial community on decomposing wheat straw during mushroom compost production. *Bioresource Technology*, *170C*, 183–195. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2014.07.093>
215. Zhao, B., Cao, X., Cai, Z., Zhang, L., Li, D., Zhang, H., Li, S., & Sun, X. (2023). Improving suppressive activity of compost on phytopathogenic microbes by inoculation of antagonistic microorganisms for secondary fermentation. *Bioresource Technology*, *367*, 128288. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.128288>
216. Zhao, G., Zhou, J., Tian, Y., Chen, Q., Mao, D., Zhu, J., & Huang, X. (2023). Remediation of fomesafen contaminated soil by *Bacillus* sp. Za: Degradation pathway, community structure and bioenhanced remediation. *Environmental Pollution*, *336*, 122460. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2023.122460>
217. Zhou, C., Li, J., Song, C., Ke, W., Wang, H., Yang, S., Zhang, W., Zhou, L., Gao, Y., Wu, F., & Sun, S. (2025). Microbial regulation of organic solid waste composting: Lignocellulose degradation (fertilization), process gas emissions, and containment of typical pollutants. *Journal of Environmental Management*, *393*, 127172. <https://doi.org/10.1016/J.JENVMAN.2025.127172>
218. Zhu, L., Wang, X., Liu, L., Le, B., Tan, C., Dong, C., Yao, X., & Hu, B. (2024). Fungi play a crucial role in sustaining microbial networks and accelerating organic matter mineralization and humification during thermophilic phase of composting. *Environmental Research*, *254*, 119155. <https://doi.org/10.1016/J.ENVRES.2024.119155>
219. Zhu, L., Zhao, Y., Yao, X., Zhou, M., Li, W., Liu, Z., & Hu, B. (2023). Inoculation enhances directional humification by increasing microbial interaction intensity in food waste composting. *Chemosphere*, *322*, 138191. <https://doi.org/10.1016/J.CHEMOSPHERE.2023.138191>
220. Zmora-Nahum, S., Hadar, Y., & Chen, Y. (2007). Physico-chemical properties of commercial composts varying in their source materials and country of origin. *Soil Biology and Biochemistry*, *39*(6), 1263–1276. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2006.12.017>
221. Zmora-Nahum, S., Markovitch, O., Tarchitzky, J., & Chen, Y. (2005). Dissolved organic carbon (DOC) as a parameter of compost maturity. *Soil Biology and Biochemistry*, *37*(11), 2109–2116. <https://doi.org/10.1016/J.SOILBIO.2005.03.013>
222. Zupančič, G. D., & Roš, M. (2008). Aerobic and two-stage anaerobic-aerobic sludge digestion with pure oxygen and air aeration. *Bioresource Technology*, *99*(1), 100–109. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2006.11.054>