



Una revisión sobre la diversidad microbiana y su rol en el compostaje aerobio

A review of microbial diversity and its role in aerobic composting

ERNESTINA VÁSQUEZ-CASTRO¹ CARLOS MILLONES-CHANAMÉ²

RESUMEN

Desde las primeras publicaciones sobre el estudio de los microorganismos en el compostaje a la actualidad, el avance es impresionante debido a que los métodos microbiológicos y de biología molecular han servido para identificar la estructura de las comunidades microbianas durante el proceso. La interacción de parámetros fisicoquímicas y el tipo de sistema de compostaje, determinan las variaciones en la diversidad y abundancia de las especies microbianas. La actividad metabólica principalmente de bacterias y hongos permite la degradación de la materia orgánica y contribuyen a la maduración del compost, principal producto del compostaje aerobio. En este proceso las bacterias son el grupo más abundante, abarcando los *Phyla Proteobacterias, Firmicutes, Actinobacterias* y *Bacteroidetes*, seguido por los hongos, principalmente el phylum *Ascomycota*. El interés en la inoculación del compostaje con microorganismos exógenos es cada vez mayor, por los beneficios que aportan gracias a su actividad metabólica, principalmente lignocelulolítica y en el mejoramiento de la calidad del compost, disminuyendo el tiempo de compostaje. Se presenta una revisión sobre la diversidad microbiana durante el compostaje y el rol que cumplen los microorganismos endógenos y aquellos inoculadas, con el objetivo de brindar una perspectiva sobre la situación actual y el abordaje de nuevos retos relacionados al potencial empleo de los microorganismos del compostaje.

¹Laboratorio de Biología, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Perú.

²Laboratorio de Biología, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Perú.

©Los autores. Este artículo es publicado por la Revista Aporte Santiaguino de la Universidad Nacional Santiago Antúnez de Mayolo. Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0) (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), que permite: Compartir — copiar y redistribuir el material en cualquier medio o formato, Adaptar — remezclar, transformar y construir a partir del material para cualquier propósito, incluso comercialmente.

Palabras clave: Comunidades microbianas; hongos; bacterias; degradación; inoculación; microorganismos endógenos.

ABSTRACT

Since the first publications on the study of microorganisms in composting, the progress has been impressive, because microbiological and molecular biological methods have been used to identify the structure of microbial communities during the process. The interaction of physico-chemical parameters and the type of composting system determine variations in the diversity and abundance of microbial species. The metabolic activity of mainly bacteria and fungi allows the degradation of organic matter and contributes to the maturation of compost, the main product of aerobic composting. In this process, bacteria are the most abundant group, comprising the Phyla Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria and Bacteroidetes, followed by fungi, mainly the phylum Ascomycota. The interest in the inoculation of compost with exogenous microorganisms is increasing, due to the benefits they provide thanks to their metabolic activity, mainly lignocellulolytic and in the improvement of compost quality, reducing composting time. A review of microbial diversity during composting and the role of endogenous and inoculated microorganisms is presented, with the aim of providing a perspective on the current situation and addressing new challenges related to the potential use of microorganisms in composting.

Keywords: Microbial communities; fungi; bacteria; degradation; inoculation; endogenous microorganisms.

INTRODUCCIÓN

El compostaje es un proceso de reciclaje de desechos orgánicos, llevado a cabo por los microorganismos en presencia de oxígeno (Liu et al., 2017) eight different treatments (T1–T8, ha sido descrito por Neugebauer y Solowiej, (2017), según la siguiente ecuación:

Resíduos orgánicos + microorganismos + O₂ -----> H₂O + CO₂ + compost + calor

El rol que cumplen los microorganismos es fundamental para la degradación y mineralización de la materia orgánica, permitiendo la formación del compost (Ribeiro et al., 2017). El compost permite incorporar al suelo nutrientes como nitrógeno, fósforo y potasio, facilitando su absorción por las plantas, por lo que es catalogado como un biofertilizante (Nakasaki et al., 2019).

La diversidad de microorganismos que participan durante el compostaje, constituyen un ecosistema que se va haciendo más complejo, a medida que van degradando la materia orgánica y se van dando cambios en los parámetros fisicoquímicos (Nakasaki et al., 2019). Los cambios marcados de las especies microbianas durante el compostaje, dependen de su metabolismo e interacción con los parámetros fisicoquímicos y el tipo de sustrato (Villar et al., 2016) La composición de las comunidades microbianas es reguladas por los parámetros fisicoquímicos de la materia prima empleada, principalmente la relación Carbono-Nitrógeno y la humedad, dependiendo de ello pueden existir especies que son universales y otras específicas para cada sistema de compostaje (Wang et al., 2015). La comprensión de esta complejidad microbiana y de los cambios que ocurren en su dinámica, es de gran utilidad para la incorporación exitosa de microorganismos exógenos en el compostaje (Xi et al., 2015).

Durante las etapas mesófilas, termófilas, enfriamiento y maduración del compostaje, han sido identificados microorganismos que pertenecen a diez filos diferentes entre ellos el phylum Firmicutes, Proteobacteria y Chloroflexi (Silva et al., 2016).

La presente revisión trata sobre la diversidad de microorganismos que intervienen durante el compostaje aerobio, destacando el rol que cumplen las comunidades microbianas inherentes y aquellas inoculadas durante el proceso, con el objetivo de brindar una perspectiva general sobre los avances y el abordaje de nuevos retos relacionados con el potencial empleo de los microorganismos del compostaje.

MATERIALES Y MÉTODOS

En base a las palabras clave asociadas al tema de biodiversidad microbiana del compostaje, se realizó una búsqueda de información científica contenida en fuentes primarias, extraída de bases de datos reconocidas del área ambiental: Scopus, Web Of Science, Google Scholar, Science Direct, Resarch Gate. La información seleccionada fue evaluada teniendo como criterio el factor de impacto de la revista de publicación, año de publicación (2015-2021) y se realizó un análisis que permitió sistematizar la información mediante consolidación en ítem y tablas.

DESARROLLO Y DISCUSIÓN

Métodos de estudio de la diversidad microbiana del compostaje

Los primeros perfiles de las comunidades microbianas, inicialmente, se basaron en métodos microbiológicos dependientes del cultivo en placa (Rivas et al., 2017; Zhao et al., 2017) whose population dynamics are influenced by the type of organic substrate used. In order to quantify fungal and actinomycetes populations and identifying fungi present during the composting process, three compost were developed with the inclusion of different organic materials, differing by the inclusion of fibrous substrates water hyacinth (*Eichhornia crassipes*; sin embargo, en la actualidad los métodos de biología molecular, permiten explorar la riqueza de la biodiversidad, estructura y cambios dinámicos de las comunidades microbianas del compost y los parámetros que la regulan (Wei et al., 2018)

La extracción del ADN de muestras tomadas durante el compostaje, su secuenciación y amplificación por PCR, así como la clonación y análisis, han permitido conocer especies que anteriormente no habían podido identificarse por métodos microbiológicos. Incluso, se ha logrado analizar la composición funcional de las comunidades microbianas mediante la investigación filogenética de comunidades, empleando métodos la reconstrucción de estados no observados (PICRUSt) (Wei et al., 2018).

Los phyla bacterianos identificados mediante métodos moleculares, independientemente del tipo de sustrato y sistema de compostaje, indican en mayor abundancia la presencia de *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Actinobacteria* y *Chloroflexi*. Otros menos frecuentes destacan: *Planctomycetes*, *Verrucomicrobia*, *Deinococcus-Thermus*, *Nitrospira*, *Acidobacteria*, *Candidate_división_TM7* y *Gemmatimonadetes* (Tabla 1).

Respecto a la estructura de las comunidades fúngicas, éstas varían durante todo el proceso de compostaje y se han descrito en diferentes tipos de sustratos y sistemas de compostaje, los phyla *Ascomycota*, *Basidiomycota* y *Zygomycota* (Wang et al., 2018; Wang et al., 2020; Galitskaya et al., 2017; L. Zhang et al., 2015 (Tabla 2).

Tabla 1. Phylum de bacterias identificadas en diferentes sustratos y sistemas de compostaje, según método de análisis molecular.

Phylum	Sustrato	Sistema de compostaje	Método de análisis	Referencia
<i>Proteobacteria</i> , <i>Actinobacteria</i> , <i>Bacteroidetes</i> , <i>Firmicutes</i> y <i>Chloroflexi</i>	Desechos verdes triturados y granos de cervecería gastados	Hilera (183.5m x 3m x 2m)	Secuenciación de alto rendimiento	(Storey et al., 2015)
<i>Bacteroidetes</i> , <i>Proteobacteria</i> , <i>Firmicutes</i> , <i>Actinobacteria</i> , <i>Planctomycetes</i> , <i>Candidatus_</i> <i>division_TM7</i> , <i>Verrucomicrobia</i> , <i>Chloroflexi</i> y <i>Gemmatimonadetes</i>	Estiércol de vaca y paja de arroz pre humedecida	Pila (5.0 m x 1.5 m x 1.0 m)	PCR amplificación y secuenciamiento	(Ren et al., 2016)
<i>Firmicutes</i> , <i>Proteobacteria</i> , <i>Bacteroidetes</i> y <i>Actinobacteria</i>	Residuos de áreas verdes de parque, estiércol, lechos y residuos de alimentos de animales de zoológico	Pila (1.6 m x 2.0 m x 2.5 m)	Shotgun	(Antunes et al., 2016)
<i>Proteobacteria</i> y <i>Bacteroidetes</i> . <i>Firmicutes</i> , <i>Chloroflexi</i> , <i>Planctomycetes</i> , <i>Nitrospirae</i>	Lechada de estiércol y aserrín	Reactor (300 mm diámetro x 400 mm altura)	Secuenciación de alto rendimiento	(Zhong et al., 2017)
<i>Firmicutes</i> , <i>Actinobacteria</i> , <i>Proteobacteria</i> , <i>Chloroflexi</i> , <i>Gemmatimonadetes</i>	Residuos verdes urbanos y estiércol de oveja.	Recipiente de plástico (35 m x 2 m x 10 cm)	Secuenciación de alto rendimiento	(Liu et al., 2017)
<i>Firmicutes</i> , <i>Proteobacteria</i> , <i>Bacteroidetes</i> y <i>Actinobacteria</i>	Pajilla de maíz y pajilla de arroz	Pila (0.4 m x 0.6 m x 0.5 m)	PICRUSt	(Wei et al., 2018)

<i>Proteobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Chloroflexi y Actinobacteria</i>	Pajilla de maíz y estiércol de vaca	Pila (2.5 m x 1.5 m x 1.5 m)	PCR amplificación y secuenciamiento	(Meng et al., 2019)
<i>Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes, Acidobacteria, Verrucomicrobia</i>	Hojas de caña de azúcar y lechada de estiércol	Reactor	PCR amplificación y secuenciamiento	(Xu et al., 2019)

Tabla 2. Phylum de hongos identificados en diferentes sustratos y sistemas de compostaje, según método de análisis molecular.

Phylum	Sustrato	Sistema de compostaje	Método de análisis	Referencia
<i>Ascomycota</i> , <i>Basidiomycota</i> , <i>Zygomycota</i>	Residuos orgánicos municipales, aserrín contaminado con aceite, lodos residuales.	Pila (vol. 20 kg.)	454 pirosecuenciamiento	(Galitskaya et al., 2017)
<i>Ascomycota</i>	Residuos de hongos y estiércol de pollo.	Reactor 100 L	Secuenciación de Illumina	(Gu et al., 2017)
<i>Basidiomycota</i> , <i>Neocallimastigomycota</i> , <i>Ascomycota</i> , <i>Zygomycota</i> y <i>Chytridiomycota</i>	Estiércol de vaca.	Reactor 40 L (40 cm diámetro x 100 cm altura).	Secuenciamiento de alto rendimiento	(Wang et al., 2018)
<i>Ascomycota</i> , <i>Basidiomycota</i> , <i>Zygomycota</i>	Paja de arroz y estiércol de cerdo.	Pila (12 m x 4 m x 3 m)	PCR	(Wang et al., 2020)
<i>Ascomycota</i> , <i>Basidiomycota</i> , <i>Mortierellomycota</i> y <i>Mucoromycota</i>	Estiércol de cerdo y escoria fina de gasificación de carbón.	Reactor L	Secuenciamiento de alto rendimiento	(Liu et al., 2021)

Diversidad microbiana en las etapas de compostaje

Etapas: Inicial y Mesofílica

Estas etapas se caracterizan porque los nutrientes son abundantes y los grupos de microorganismos que intervienen están asociados a la generación de energía como producto del metabolismo de compuestos fácilmente degradables como carbohidratos (Antunes et al., 2016).

Respecto a las comunidades bacterianas, el análisis molecular de la etapa inicial del compostaje reveló la abundancia de los phyla *Proteobacteria* (29,4 – 57,4%), *Firmicutes* (22,7 - 30,3%) y *Bacteroidetes* (11,70 - 38,6%), mientras que otros phyla aparecieron en porcentajes menores a 1% (Meng et al., 2019). No obstante, el phylum *Proteobacteria* es constante durante todo el proceso de compostaje (Zhong et al., 2017). Por otro lado, el phylum *Firmicutes* fue el de mayor abundancia (87,7%) durante la fase mesotérmica del compostaje termofílico de residuos verdes (Liu et al., 2017).

En relación a las comunidades fúngicas, Ascomycota, es sin lugar a dudas, el phyla dominante en todas las fases del compostaje (Galitskaya et al., 2017; Tian et al., 2017; Wang et al., 2018; Wang et al., 2020).

A nivel de género, *Candida* y *Aspergillus*, son los más abundantes en etapas iniciales del compostaje, teniendo una gran capacidad de adaptación a los cambios de temperatura durante todo el proceso (Wang et al., 2018). Por otro lado, en la fase inicial de residuos orgánicos sólidos urbanos y aserrín contaminado con aceite, la abundancia de especies de *Galactomyces geotrichum*, *Dipodascus australiensis* y *Candida sake* (Saccharomycetales), estuvo en el orden de 70%, 4% y 2% respectivamente (Galitskaya et al., 2017).

Otros phyla, *Neocallimastigomycota*, *Chytridiomycota* y *Basidiomycota*, fueron registrados por Wang et al. (2018), al inicio del compostaje del estiércol de vaca crudo; sin embargo en las siguientes fases, su tendencia es la disminución.

Etapa termofílica

La creciente actividad microbiana durante esta etapa, genera el incremento de la temperatura (Wei et al., 2018), pudiendo alcanzar temperaturas entre 45 -70°C con

una duración variable (Azim et al., 2017). Se ha observado que en la etapa termofílica, se intensifica la actividad metabólica de los microorganismos que despolimerizan compuestos carbonados (Antunes et al., 2016).

Las altas temperaturas de la etapa termofílica, tienen efecto de auto esterilización del compost, originando una reducción notable de poblaciones de patógenos, como *Pseudomonas*, *Flexibacter* (Zhang et al., 2016).

En cuanto a los grupos bacterianos, el phylum Firmicutes, está asociado a las temperaturas altas de la etapa termofílica (Liu et al., 2017; Meng et al., 2019). En esta etapa, la abundancia del phylum Firmicutes, incrementó notoriamente de 36,15% a 58,48%, durante el compostaje de la fracción sólida de la lechada de estiércol y aserrín (Zhong et al., 2017). Dentro de este phylum, el orden Bacillales es constante a lo largo de todas las etapas del compostaje (Nakasaki et al., 2019); y su tendencia es decrecer, desde la etapa inicial hasta finalizar el compostaje (Antunes et al., 2016). Por otro lado, la reaparición del phylum Actinobacteria en esta etapa está relacionada con su tolerancia a las altas temperaturas (Wei et al., 2018).

Respecto a los hongos, durante el compostaje de residuos orgánicos sólidos urbanos y aserrín contaminado con aceite, se observó que en la fase termofílica, la abundancia de hongos no cultivables (no identificados) fue mayor a 44% (Galitskaya et al., 2017).

El género *Mycothermus*, hongo termofílico con capacidad de síntesis de enzimas termoestables, fue especialmente predominante (98,77%), en altas temperaturas del compostaje de estiércol de vaca, realizado en reactor, experimentando una disminución (75,34%) en la etapa de enfriamiento (Wang et al., 2018). *Aspergillus* es un género de interés en la etapa termofílica del compostaje de residuos de hierbas medicinales, con una abundancia de 54,02% (Tian et al., 2017). Ambos géneros, *Mycothermus* y *Aspergillus*, cumplen un rol fundamental en la degradación de la lignocelulosa, debido a la síntesis de enzimas celulasas, hemicelulasas y glucosido hidrolasas (Wang et al., 2020).

Etapas de enfriamiento y maduración

La etapa de enfriamiento, Debido a la notable reducción de la temperatura en la etapa de enfriamiento, las bacterias termofílicas tienden a disminuir (Liu et al., 2017)

Los grupos de bacterias que metabolizan sustancias remanentes difíciles de degradar, principalmente lignina, están vinculadas a la producción de la enzima superóxido dismutasa (SOD) (Antunes et al., 2016)

Otros géneros de actinomicetos como *Spaerobacter* y *Steroidobacter*, además de algunas especies no cultivables del phyla *TM7*, fueron dominantes en la fase de maduración del compostaje de residuos verdes, enmendado con fertilizante inorgánico y lodo (Storey et al., 2015).

Rivas et al. (2017), reportaron que en las etapas finales del compostaje de *Eichornia crassipes*, residuos de café y jardinería, las poblaciones de actinomicetos disminuyeron, debido probablemente, a la menor disponibilidad de nutrientes.

El alto grado de madurez y estabilidad del compost están relacionados con la mayor diversidad y abundancia de comunidades bacterianas de *Pseudonocardiaceae*, *Streptomycetaceae*, *Brevibacteriaceae* (*Actinobacteria*) y *Bacillaceae* (*Firmicutes*), asociadas con la producción de alto contenido de sustancias húmicas (Silva et al., 2016)

El aumento de los phyla *Plantocmycetes* y *Nitrospirae* en la etapa de maduración, probablemente se deba a la oxidación anaeróbica del amoníaco NH_3 , contribuyendo al aumento de nitrato en el compost final (Ren et al., 2016; Zhong et al., 2017) Las reacciones secundarias que ocurren durante la etapa de maduración, conducen a la humificación, formándose los ácidos fúlvicos (FA), que son intermediarios en la síntesis de los ácidos húmicos (HA), y finalmente originan sustancias húmicas estables y no tóxicas (Azim et al., 2017). Otros factores como la alta conductividad eléctrica, contenido de cobre y baja fitotoxicidad, también están asociados a la adecuada madurez y estabilidad del compost en esta etapa (Silva et al., 2016) two municipal solid waste commercial composts (MSW1 and MSW2. Resulta interesante en esta etapa, la identificación de *Symbiobacterium* sp. una bacteria comensal que actúa como indicador del compost estabilizado (Nakasaki et al., 2019).

El phylum *Bacteroidetes*, con actividad degradativa de celulosa, agar y quitina, también incrementa en la fase de maduración, varias de sus especies han sido aisladas de diferentes tipos de compostajes (Ren et al., 2016)

El phylum *Chloroflexi*, asociado a las bacterias oxidantes anaeróbicas de amonio (annamox) (Ren et al., 2016), fue dominante en la última fase del compostaje

termofílico de residuos verdes (Liu et al., 2017) eight different treatments (T1–T8. Sin embargo, Meng et al. (2019), hallaron que *Chloroflexi*, fue más abundante en la fase termofílica que en la fase de maduración, durante el compostaje de pajilla de maíz y estiércol de vaca.

Respecto a las comunidades fúngicas, luego de haber estado inactivas a causa de las altas temperaturas de la etapa termofílica, durante las etapas de enfriamiento y maduración empiezan a recuperarse (Gu et al., 2017) Se han detectado en la etapa de enfriamiento y maduración, especies de los géneros *Aspergillus* y *Penicillium sp.*, mientras que otras especies como *Acremonium*, así como poblaciones de actinomicetos, comunes en las etapas iniciales del compostaje, luego de su disminución, reaparecen en la etapa de maduración (Rivas et al., 2017).

Rol de los microorganismos en el compostaje:

Microorganismos endógenos

La principal actividad microbiana durante el compostaje, es la degradación de compuestos orgánicos, especialmente ligninocelulósicos, debido a las enzimas que poseen bacterias y hongos (Huang et al., 2017). Así, las enzimas de acción extracelular como las hemicelulasas, celulasas, pectinasas y ligninasas actúan de manera sinérgica y secuencial durante todas las etapas del compostaje y como producto de su acción catalítica, la hemicelulosa, se degrada a celulosa y lignina en la etapa termofílica (Wei et al., 2018)

Las bacterias, representan el grupo más abundante y tienen una actividad predominantemente lignocelulolítica, constituyendo un grupo central de microorganismos constantes durante todas las etapas del compostaje (Antunes et al., 2016), siendo su capacidad lignocelulósica comparable con la de los hongos y actinomicetos (Liu et al., 2017; Wei et al., 2018) eight different treatments (T1–T8. Otras importantes funciones que cumplen los microorganismos en un sistema de compostaje, es desarrollar procesos celulares y procesar información de su entorno (Wei et al., 2018).

Microorganismos inoculados en el compostaje

La inoculación con microorganismos representa una tecnología complementaria eficiente durante el proceso de compostaje (Medina et al., 2018). Los microorganismos

inoculados pueden ser consorcios de bacterias, de hongos o de ambos, que al ser específicos también producen las enzimas específicas para la degradación, mejorando el proceso de compostaje (Fan et al., 2017).

Los microorganismos lignocelulolíticos, inoculados durante el compostaje, aceleran la degradación de la materia orgánica (Jain, Daga, & Kalamdhad, 2018; Voběrková et al., 2017) y favorecen el incremento de la temperatura en la etapa termofílica por mayor tiempo (Xi et al., 2015). PCR-DGGE method was applied to investigate the impact of multi-stage inoculation treatment on the community composition of bacterial and fungal during municipal solid wastes (MSW, con lo cual mejora el índice de germinación del compost en relación a un producto sin inocular (Li et al., 2019). Además, la adición de inóculos microbianos, permite también incrementar el contenido de fósforo total (PT), y reducir la toxicidad, al disminuir la presencia de patógenos humanos en el compost final (Li et al., 2019).

La eficiencia de los inoculantes, depende del tipo de sustrato orgánico usados para el compostaje (Wang et al., 2015), de los microorganismos empleados (Voběrková et al., 2017). y deben excluirse aquellos que sean perjudiciales, como *Aspergillus flavus*, productor de aflatoxina y *Streptomyces somaliensis*, que produce metabolitos que inhiben a otros microorganismos (Zhao et al., 2017). Por otro lado, los consorcios de microorganismos, inoculados en el compostaje, regulan la estructura de las comunidades microbianas, favoreciendo la abundancia de algunos géneros como *Flavobacterium* y *Solibacillus* (Li et al., 2019). Lo cual, significa que influyen positivamente en la actividad metabólica de las comunidades intrínsecas durante la mineralización de la materia orgánica (Awasthi et al., 2018)

El sistema de compostaje y el método de inoculación, también influye en la eficiencia de los microorganismos, por lo tanto, la inoculación en varias etapas del compostaje, mejora la estructura de las comunidades microbianas, evitando la competencia entre microorganismos inoculados e intrínsecos (Xi et al., 2015). PCR-DGGE method was applied to investigate the impact of multi-stage inoculation treatment on the community composition of bacterial and fungal during municipal solid wastes (MSW (Tabla 3).

Tabla 3. Beneficios del empleo de consorcios microbianos durante el compostaje aerobio de residuos orgánicos.

Tipo de sustrato orgánico	Relación C / N inicial	Humedad Inicial	Sistema de compostaje	Tiempo de compostaje	Consortio microbiano inoculado	Beneficios	Referencia
Residuos orgánicos de alimentos, agente de carga: podas de áreas verdes	25:1	65%	Pila (0,8 m x 2 m x 0,5 m)	60 días	<i>Bacillus cereus</i> <i>Trichoderma longibrachiatum</i>	Mejora calidad del compost. Mayor índice de germinación del compost. Mayor porcentaje de conversión de materia orgánica.	(Aveiga et al., 2016)
Estiércol lácteo agente de carga: paja de arroz	32:1	60%	Reactor (0,8 x 0,6 x 0,45 m)	54 días	<i>Brevundimonas diminuta</i> <i>Flavobacterium glaciei</i> <i>A. niger</i> <i>Penicillium commune</i>	Acelera el inicio del compostaje a baja temperatura ambiental Promueve la madurez del compost	(Gou et al., 2017)
Paja de maíz y estiércol lácteo, agente de carga: paja de maíz	30:1	60%	Reactor (18 cm x 45 cm)	60 días	<i>Streptomyces sp.</i> <i>Actinobacteria bacterium</i>	Incrementa actividad de la celulasa Acelera degradación de la celulosa Incremento de sustancias húmicas. Influye positivamente en las comunidades de actinomicetos endógenos.	(Zhao et al., 2017)

Estiércol de cerdo, agente de carga: ramas de manzano.	30:1	60%	Contenedor de plástico (38 cm x 33 cm x 33 cm)	29 días	<i>Ralstonia sp.</i> , <i>Penicillium sp.</i> , <i>P. aurantiogriseum.</i> <i>Acremonium alternatum.</i>	Menor tiempo de compostaje Mejora el nivel de maduración del compost. Incrementa la actividad de la celulasa, ureasa, y polifenol oxidasa. Incrementa la diversidad de comunidades de bacterias.	(Yang et al., 2018)
Orujo de olivo húmedo Agente de carga: paja de trigo y astillas de madera	20kg/15 kg/ 5 kg	48%	Contenedor de plástico 65 L.	142 días	<i>Azotobacter chroococcum.</i> <i>Phanerochaete chrysosporium.</i>	Moderado efecto sobre las características fisicoquímicas del compost maduro Menor contenido de fenoles solubles en agua en las pilas inoculadas.	(Milanović et al., 2019)
Estiércol lácteo agente de carga: hojas de caña de azúcar	30:1	---	Reactor cilíndrico 60 L	30 días	<i>Bacillus licheniformis</i> <i>Aspergillus nidulans</i> <i>A. oryzae</i>	Acelera la degradación de la materia orgánica. Incrementa la degradación de la lignocelulosa Incrementa síntesis de sustancias húmicas. Incrementa diversidad de comunidades microbianas.	(Xu et al., 2019)

Bacterias inoculadas

Diferentes autores, han ensayado el empleo de consorcios de bacterias durante el compostaje de residuos orgánicos. Así tenemos que, *Bacillus cereus* y *B. megaterium*, aislados de compost y adicionados como inoculante, mostraron gran eficiencia en la degradación de la celulosa y hemicelulosa en la etapa termofílica del compostaje (Ribeiro et al., 2017). Asimismo, *Bacillus*, *Sphingobacterium* y *Saccharomonospora* inoculados durante el compostaje de cáscara de cítrico, incrementaron la temperatura y aceleraron la degradación de la pectina y celulosa (Wang et al., 2019).

Cepas termofílicas de *Streptomyces* y de *Actinobacteria bacterium*, inoculados a diferentes etapas del compostaje de materia orgánica, aceleraron la degradación de la celulosa en azúcares y su conversión en sustancias húmicas, disminuyendo la emisión de gases de efecto invernadero (Zhao et al., 2017).

El compost obtenido con inóculos de cepas de *Bacillus sp.* y *Pseudomonas sp.* aisladas del compostaje de vegetales y frutas, resultó eficiente en el cultivo de *Cicer arietinum*, grama verde, demostrando mejor desarrollo comparado con aquellas que no fueron inoculadas (Indumathi, 2017).

Hongos inoculados

Los consorcios fúngicos vienen despertando gran interés por su notable actividad enzimática que permite optimizar la calidad del compost, contribuyendo a su madurez y obteniendo un producto libre de toxicidad. Es así que el consorcio formado por *Ralstonia sp.*, *Penicillium sp.*, *Penicillium aurantiogriseum* y *Acremonium alternatum*, mejora la actividad enzimática de la celulasa, ureasa y polifenol oxidasa, durante el compostaje de estiércol de cerdo y ramas de manzano (Yang et al., 2018). Así mismo, el cultivo de *Trametes versicolor* y *Fomes fomentarius*, hongos de la podredumbre blanca, logra acelerar la degradación de residuos orgánicos municipales, atribuible al incremento de la actividad de las deshidrogenasas y proteasas microbianas, (Voběrková et al., 2017).

La inoculación con *Phanaerochaete chrysosporium* en el compostaje de residuos orgánicos contaminados con plomo (Pb), permitió su transformación en un compuesto estable, reduciendo su toxicidad y recuperando las comunidades bacterianas, inicialmente bajo estrés por la presencia de Pb (Huang et al., 2017).

Inoculaciones mixtas

El empleo de inóculos mixtos, formados por diversos tipos de microorganismos como bacterias, hongos y actinomicetos, han dado buenos resultados durante el compostaje y han contribuido no solo a la obtención de un compost de mejor calidad, sino también hacer más eficiente el proceso.

Cepas seleccionadas de *Bacillus amiloquefaciens*, *B. cereus*, *B. licheniformis*, *B. pseudomycoides*, *B. subtilis*, *Lysinibacillus xylanilyticus*, *Paenibacillus jamilae*, *P. polymixa*, (bacterias); *Aspergillus japonicus*, *A. versicolor*, *Phlebia acanthocystis* (hongos) y *Brevibacterium epidermidis* (actinomiceto), eficientes en la degradación de residuos de cocina, disminuyeron significativamente las emisiones de NH₃ y H₂S (Zhao et al., 2017). El compostaje inoculado con *B. cereus* y *Trichoderma longibraquiatum*, alcanzó una mayor degradación de la materia orgánica y el compost obtenido tuvo mejor índice de germinación de semillas, comparado con el compost elaborado con cultivo comercial de microorganismos inespecíficos (Aveiga et al., 2016).

CONCLUSIONES

El empleo de métodos microbiológicos y de biología molecular, han facilitado el conocimiento de la diversidad microbiana y su sucesión durante el compostaje, siendo de gran utilidad para comprender el rol que cumplen los microorganismos en el proceso de compostaje.

Las perspectivas y desafíos de la investigación sobre la diversidad microbiana y su potencial empleo en el proceso de degradación de residuos orgánicos, son muy amplias. Uno de los aspectos principales a ser abordados en futuras investigaciones, es la necesidad de desarrollar nuevos métodos y medios de cultivo artificiales para el aislamiento de especies en cultivo puro y analizar el impacto de los parámetros ambientales específicos para cada una (Wang et al., 2015), teniendo en cuenta que existe un gran porcentaje de microorganismos no cultivables que encierran un gran potencial metabólico y que hasta hoy no han podido ser aislados.

Por otro lado, la identificación de especies microbianas con gran potencial para su inoculación durante compostaje, ha sido un gran paso para mejorar las características del compost obtenido, surge el gran desafío de desarrollar inoculantes universales para la degradación de diferentes sustratos de compostaje. Además, continuar el

desarrollo de estudios que correlacionen la estructura y diversidad microbiana con la calidad final del compost, útiles para definir aquellos microorganismos que servirían como indicadores de la calidad del producto final y permitan mejorar el control del proceso (Silva et al., 2016)two municipal solid waste commercial composts (MSW1 and MSW2.

El estudio del potencial enzimático de los microorganismos y la obtención de productos durante el compostaje, claves para la investigación metabolómica de los ecosistemas microbianos del compost (Wei et al., 2018) y los complejos enzimáticos de los hongos, eficientes en la degradación de material lignocelulósico, representan una alternativa eficiente y de bajo costo para ser empleados en proyectos de biorremediación (Sánchez, 2009) y el compostaje de residuos orgánicos contaminados con metales pesados como plomo (Huang, et al., 2017; Jain et al., 2018). Por ello, conocer aún más sobre el potencial de enzimas termoestables resulta necesario para comprender su uso en el manejo del medio ambiente y procesos industriales (Antunes et al., 2016.

Declaración de conflictos de intereses

Los autores declaran que no existe conflicto de intereses con respecto a la publicación.

AGRADECIMIENTO

La presenta revisión se realizó en el marco del Programa de Doctorado en Ciencias para el Desarrollo Sustentable, financiado por PROCENCIA y el Banco Mundial.

REFERENCIAS

- Antunes, L. P.; Martins, L. F.; Pereira, R. V.; Thomas, A. M.; Barbosa, D.; Lemos, L. N. y Setubal, J. C. 2016. "Microbial community structure and dynamics in thermophilic composting viewed through metagenomics and metatranscriptomics". *Scientific Reports* Vol. 6: 1–13. < <https://doi.org/10.1038/srep38915>>
- Aveiga, E.; Alcívar, R.; Cañarte, F. y Vera, H. 2016. "Uso de biopreparados en el compostaje de residuos orgánicos urbanos". *Revista Espamciencia* Vol. 7, No. 2: 135–142.

- Awasthi, S. ; Wong, J. ; Li, J.; Wang, Q.; Zhang, Z.; Kumar, S.; y Awasthi, M. 2018. “Evaluation of microbial dynamics during post-consumption food waste composting”. *Bioresource Technology* Vol. 251:181–188. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2017.12.040> >
- Azim, K.; Soudi, B.; Boukhari, S.; Perissol, C.; Roussos, S. y Thami Alami, I. 2017. “Composting parameters and compost quality: a literature review”. *Organic Agriculture* Vol. 8, No. 2: 141–158. <<https://doi.org/10.1007/s13165-017-0180-z> >
- Fan, Y.; Van Jaromír, J.; Chew, K.; Lee, T. y Ho, C. 2017. “Efficiency of microbial inoculation for a cleaner composting technology”. <<https://doi.org/10.1007/s10098-017-1439-5> >
- Galitskaya, P.; Biktasheva, L.; Saveliev, A.; Grigoryeva, T.; Boulygina, E. y Selivanovskaya, S. 2017. “Fungal and bacterial successions in the process of co-composting of organic wastes as revealed by 454 pyrosequencing”. *PLoS ONE* Vol. 12: 1–20. < <https://doi.org/https://doi.org/10.1371/journal.pone.0186051> October >
- Gou, C., Wang, Y., Zhang, X., Lou, Y., y Gao, Y. 2017. “Inoculation with a psychrotrophic-thermophilic complex microbial agent accelerates onset and promotes maturity of dairy manure-rice straw composting under cold climate conditions”. *Bioresource technology* Vol. 243: 339-346.
- Gu, W.; Lu, Y.; Tan, Z.; Xu, P.; Xie, K.; Li, X. y Sun, L. 2017. “Fungi diversity from different depths and times in chicken manure waste static aerobic composting”. *Bioresource Technology* Vol. 239: 447–453. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2017.04.047> >
- Huang, C.; Lai, C.; Zeng, G.; Huang, D.; Xu, P.; Zhang, C. y Wan, J. 2017. “Manganese-enhanced degradation of lignocellulosic waste by *Phanerochaete chrysosporium* : evidence of enzyme activity and gene transcription”. *Environmental Biotechnology* 6541–6549. < <https://doi.org/10.1007/s00253-017-8371-9> >
- Huang, C.; Zeng, G.; Huang, D.; Lai, C.; Xu, P.; Zhang, C. y Zhang, Y. 2017. “Effect of *Phanerochaete chrysosporium* inoculation on bacterial community and metal stabilization in lead-contaminated agricultural waste composting”. *Bioresource Technology* Vol. 243: 294–303. < <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2017.06.124> >

- Indumathi, D. 2017. “Microbial Conversion of Vegetable Wastes for Bio fertilizer Production”. *IOSR Journal of Biotechnology and Biochemistry* Vol. 3, No. 02: 43–47. < <https://doi.org/10.9790/264x-03024347> >
- Jain, M. S.; Daga, M. y Kalamdhad, A. S. 2018. “Composting physics: A science behind bio-degradation of lignocellulose aquatic waste amended with inoculum and bulking agent”. *Process Safety and Environmental Protection* Vol. 116: 424–432. < <https://doi.org/10.1016/j.psep.2018.03.017> >
- Li, C.; Li, H.; Yao, T.; Su, M.; Ran, F.; Han, B. y Gun, S. 2019. “Microbial inoculation influences bacterial community succession and physicochemical characteristics during pig manure composting with corn straw”. *Bioresource Technology* Vol. 289: 121653. < <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.121653> >
- Liu, L.; Wang, S.; Guo, X. ; Zhao, T. y Zhang, B. 2017. “Succession and diversity of microorganisms and their association with physicochemical properties during green waste thermophilic composting”. *Waste Management* Vol. 73: 101–112. <<https://doi.org/10.1016/j.wasman.2017.12.026> >
- Liu, T., Awasthi, MK, Jiao, M., Awasthi, SK, Qin, S., Zhou, Y. y Zhang, Z. 2021. “Cambios en la diversidad de hongos en el compostaje de estiércol de cerdo enmienda de escoria de gasificación de carbón fino”. *Tecnología de fuentes biológicas* Vol. 325 : 124703.
- Medina, M. ; Quintero, R. ; Espinosa, D. ; Alarcón, A. ; Etchevers, J. D. ; Trinidad, A. y Martínez, C. 2018. “Generación de un inoculante acelerador del compostaje”. *Revista Argentina de Microbiología* Vol. 50, No. 2: 206–210. <<https://doi.org/10.1016/j.ram.2017.03.010>>
- Meng, Q. ; Yang, W. ; Men, M. ; Bello, A. ; Xu, X. y Xu, B. 2019. “Microbial Community Succession and Response to Environmental Variables During Cow Manure and Corn Straw Composting”. *Frontiers in Microbiology* Vol. 10: 529. <<https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00529>>
- Milanović, V. ; Osimani, A. ; Cardinali, F. ; Taccari, M. ; Garofalo, C., ; Clementi, F. y Aquilanti, L. 2019. “Effect of inoculated azotobacteria and Phanerochaete chrysosporium on the composting of olive pomace : Microbial community dynamics and phenols evolution”. Vol. 1, No. 9: 1–11. <<https://doi.org/10.1038/s41598-019-53313-z>>

- Nakasaki, K. ; Hirai, H. ; Mimoto, H. ; Quyen, T. ; Koyama, M. y Takeda, K. 2019. "Succession of microbial community during vigorous organic matter degradation in the primary fermentation stage of food waste composting". *Science of the Total Environment* Vol. 671: 1237–1244. <<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.03.341>>
- Neugebauer, M., y Solowiej, P. 2017. The use of green waste to overcome the difficulty in small-scale composting of organic household waste. *Journal of Cleaner Production* Vol. 156: 865-875.
- Ren, G. ; Xu, X. ; Qu, J. ; Zhu, L. y Wang, T. 2016. "Evaluation of microbial population dynamics in the co-composting of cow manure and rice straw using high throughput sequencing analysis". *World Journal of Microbiology and Biotechnology* Vol 32. No. 6: 101 <<https://doi.org/10.1007/s11274-016-2059-7>>
- Ribeiro, N. ; Souza, T. P. ; Costa, L. ; Castro, C. P. y Dias, E. S. 2017. "Microbial additives in the composting process". *Ciência e Agrotecnologia* Vol. 41, No. 2: 159–168. <<https://doi.org/10.1590/1413-70542017412038216>>
- Rivas, M. ; Gonzáles, M. ; Belloso, G. y Silva, R. 2017. "Población de hongos y actinomicetes presentes en el proceso de compostaje con base de bora (*Eichhornia crassipes*), residuos de café y jardinería". *Saber, Universidad de Oriente, Venezuela* Vol. 29: 358–366.
- Silva, M. ; Lopes, A. ; Cunha-Queda, A. C. y Nunes, O. C. 2016. "Comparison of the bacterial composition of two commercial composts with different physicochemical, Stability and maturity properties". *Waste Management* Vol. 50: 20–30. <<https://doi.org/10.1016/j.wasman.2016.02.023>>
- Storey, S. ; Ní, D. ; Doyle, O. ; Clipson, N. y Doyle, E. 2015. "Comparison of bacterial succession in green waste composts amended with inorganic fertiliser and wastewater treatment plant sludge". *Bioresource Technology* Vol. 179: 71–77. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2014.11.107>>
- Tian, X. ; Yang, T. ; He, J. ; Chu, Q. ; Jia, X. y Huang, J. 2017. "Fungal community and cellulose-degrading genes in the composting process of Chinese medicinal herbal residues". *Bioresource Technology* Vol. 241: 374–383. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2017.05.116>>

- Villar, I., Alves, D., Garrido, J., y Mato, S. 2016. “Evolution of microbial dynamics during the maturation phase of the composting of different types of waste”. *Waste Management* Vol. 54: 83-92.
- Voběrková, S. ; Vaverková, M. ; Burešová, A. ; Adamcová, D. ; Vršanská, M. ; Kynický, J. y Adam, V. 2017. “Effect of inoculation with white-rot fungi and fungal consortium on the composting efficiency of municipal solid waste”. *Waste Management* Vol. 61: 157–164. <<https://doi.org/10.1016/j.wasman.2016.12.039>>
- Wang, K. ; Yin, X. ; Mao, H. ; Chu, C. y Tian, Y. 2018. “Changes in structure and function of fungal community in cow manure composting”. *Bioresource Technology* Vol. 255: 123–130. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2018.01.064>>
- Wang; Liu, Z. ; Xia, J. y Chen, Y. 2019. “Effect of microbial inoculation on physicochemical properties and bacterial community structure of citrus peel composting”. *Bioresource Technology* Vol. 291: 121-843. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.121843>>
- Wang, X. ; Cui, H. ; Shi, J. ; Zhao, X. ; Zhao, Y. y Wei, Z. 2015. “Relationship between bacterial diversity and environmental parameters during composting of different raw materials”. *Bioresource Technology* Vol. 198:395–402. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.09.041>>
- Wang; Xuanqing; Kong, Z. ; Wang, Y.; Wang, M. y Liu, D. 2020. “Insights into the functionality of fungal community during the large scale aerobic co-composting process of swine manure and rice straw”. *Journal of Environmental Management*, Vol. 270: 110958. <<https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.110958>>
- Wei, H. ; Wang, L. ; Hassan, M. y Xie, B. 2018. “Succession of the functional microbial communities and the metabolic functions in maize straw composting process”. *Bioresource Technology* Vol 256: 333-341. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2018.02.050>>
- Xi, Beidou; He, X.; Dang, Q. ; Yang, T. ; Li, M. ; Wang, X. y Tang, J. 2015. “Effect of multi-stage inoculation on the bacterial and fungal community structure during organic municipal solid wastes composting”. *Bioresource Technology* Vol. 196: 399–405. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.07.069>>

- Xu, J., Jiang, Z., Li, M., y Li, Q. 2019. “A compost-derived thermophilic microbial consortium enhances the humification process and alters the microbial diversity during composting”. *Journal of environmental management* Vol. 243: 240-249.
- Yang, L. ; Jie, G. ; She-qi, Z. ; Long-xiang, S. ; Wei, S. ; Xun, Q. y Man-li, D. 2018. “Effects of Adding Compound Microbial Inoculum on Microbial Community Diversity and Enzymatic Activity During Co-Composting” *Environmental Engineering Science* Vol. 35, No. 4: 270–278. <<https://doi.org/10.1089/ees.2016.0423>>
- Zhang, L. ; Jia, Y. ; Zhang, X. ; Feng, X. ; Wu, J. ; Wang, L. y Chen, G. 2016. “Wheat straw: An inefficient substrate for rapid natural lignocellulosic composting”. *Bioresource Technology* Vol. 209: 402–406. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2016.03.004>>
- Zhao, K. ; Xu, R. ; Zhang, Y. ; Tang, H. ; Zhou, C. ; Cao, A. y Guo, H. 2017. “Development of a novel compound microbial agent for degradation of kitchen waste”. *Brazilian Journal of Microbiology* Vol. 48: 442–450. <<https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.12.011>>
- Zhao, Y. ; Zhang, Z. ; Wei, Y. ; Wang, H. ; Lu, Q. y Wei, Z. 2017. “Effect of thermo-tolerant actinomycetes inoculation on cellulose degradation and the formation of humic substances during composting”. *Waste Management* Vol. 68: 64- 73. <<https://doi.org/10.1016/j.wasman.2017.06.022>>
- Zhong, X. ; Ma, S. ; Wang, S. ; Wang, T. ; Sun, Z. ; Tang, Y. y Kida, K. 2017. “A comparative study of composting the solid fraction of dairy manure with or without bulking material: performance and microbial community dynamics”. *Bioresource Technology* Vol. 247: 443-452. <<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2017.09.116>>

Recepción: 22/10/21

Aceptación: 23/11/21

Correspondencia:

Ernestina Rosario Vásquez Castro

ernestina.vasquez@untrm.edu.pe