

Introducción

La identificación de los componentes de las camas de compost es importante para la caracterización de nuevas bacterias y enzimas termoestables que podrían aplicarse en la industria para la degradación de la biomasa. El objetivo de este trabajo es comparar de la comunidad microbiana de las camas de compost de dos lecherías de la provincia de Córdoba mediante secuenciación metagenómica 16s e inferir diferencias según cada sistema de compostaje.

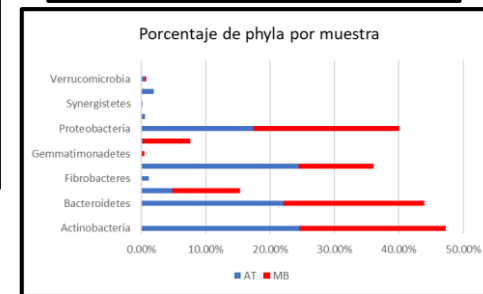
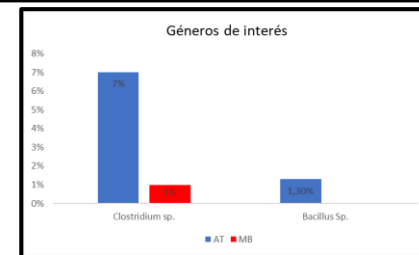
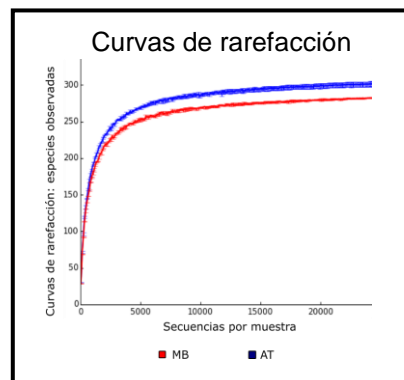
Materiales y métodos

	MB	AT
Meses de compostaje	30	20
Capacidad de carga	14.5 m ² / vaca	13.75 m ² / vaca
Áreas de alimentación	Con concreto	Sin concreto
Cama de compost Inicial	Suelo Natural	40 cm de cascara de maní
Adición de cama	No	Cascara de maní
Laboreo	Cinzel 2xd	Cinzel y rotocultivador 2 × /d

Análisis metagenómico 16s



Resultados



Discusión

Nuestros resultados indican que hay diferencias entre los tratamientos. Si bien AT llevó un menor tiempo de compostaje se identificó una mayor frecuencia de géneros de interés y que posiblemente este tratamiento, sea más eficiente en la degradación de materia orgánica.