

**A UCS É  
PRA VOCÊ  
QUE CRIA O  
FUTURO.**



**XXIX Encontro de Jovens Pesquisadores  
e XI Mostra Acadêmica de Inovação e Tecnologia**

**De 5 a 7/10**

Local: UCS - Cidade Universitária,  
Caxias do Sul

[jovenspesquisadores.com.br](http://jovenspesquisadores.com.br)



FUNDAÇÃO  
UNIVERSIDADE DE  
CAXIAS DO SUL

**UCS**  
UNIVERSIDADE  
DE CAXIAS DO SUL

## ANÁLISE METATAXONÔMICA DA MICROBIOTA PROCARIONTE PRESENTE NO LODO DE UM BIODIGESTOR ANAERÓBIO TRATANDO ESGOTOS DOMÉSTICOS

Metanogênicas

Autores: Naline Laura Lora, Juliano Gaio, Suelen Osmarina Paesi (Orientadora)

Estágio UCS



### INTRODUÇÃO / OBJETIVO

No Brasil em 2019, a porcentagem de esgotos tratados chegou a 46,3%. Mais da metade dos efluentes produzidos no país ainda é despejada sem tratamento em corpos d'água receptores. O trabalho realizado nas estações de tratamento de efluente tem objetivo de reduzir o potencial poluidor dessas águas residuárias. Para esse fim, utiliza-se tecnologias de base biológica onde consórcios microbianos residem no interior de biodigestores e são responsáveis por grande parte da remoção da carga orgânica. O objetivo deste trabalho foi identificar e avaliar a comunidade microbiana procarionte presente no lodo de um biodigestor anaeróbio (UASB) mediante a realização de uma análise metataxonômica, utilizando como marcador genético, a região gênica do rRNA 16S.

### MATERIAIS E MÉTODOS

Coleta de amostra  
(Lodo de um  
biodigestor UASB,  
ETE Tega Caxias  
do Sul)



Extração DNA da  
amostra (Kit  
PowerSoil)



Eletroforese em  
gel de agarose



Envio amostras  
(Neoprospecta)

Processamento dos  
resultados



Sequenciamento  
(MiSeq (Illumina))



Preparação das  
bibliotecas (Regiões V3 e  
V4, gene codificante rRNA  
16S).

QIIME2



Assinatura  
taxonômica

NCBI

BLAST

Banco de dados de referência

Algoritmo para comparação

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

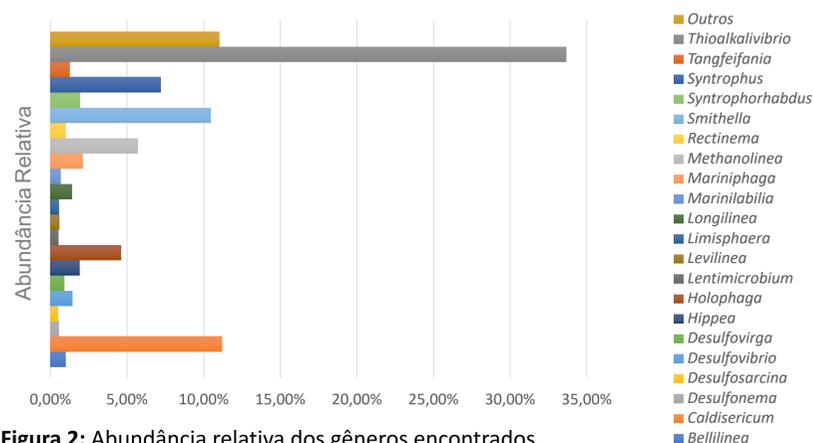


Figura 2: Abundância relativa dos gêneros encontrados.

Tabela 1: Espécies com maior abundância relativa.

Espécies mais abundantes	Características
<i>T. denitrificans</i> (33,65%)	Bactéria desnitrificante. Oxidação de sulfeto.
<i>S. propionica</i> (10,45%)	Oxidação de propionato (importante intermediário na fermentação metanogênica) à acetato, dióxido de carbono e hidrogênio.
<i>C. exile</i> (11,20%)	Redução de compostos sulfurosos, como tiosulfato, sulfito e enxofre elementar.
<i>S. acidotrophicus</i> (6,86%)	Degradação de cadeias de ácidos graxos e compostos aromáticos, possuindo relação sintrófica com as arqueas metanogênicas.
<i>M. mesophila</i> (5,70%)	Arquea hidrogenotrófica, responsável pela degradação de propionato, redutora de CO <sub>2</sub> e hidrogênio para CH <sub>4</sub> .

Entre as espécies mais abundantes (Tabela 1), não foi verificada a presença de arqueas acetoclásticas. Arqueas acetoclásticas são sensíveis a condições adversas, logo, quando em maior número, indicam estabilidade no ambiente. Entretanto, a partir dos resultados foi evidenciado uma maior abundância de arqueas hidrogenotróficas, fato que pode indicar um desequilíbrio no sistema (REHMAN et al., 2019).

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de bioinformática revelaram uma abundância relativa de 94% no domínio Bacteria e 6% no domínio Archaea. Destacando-se no domínio Bacteria o filo Proteobacteria (abundância de 63%) e no domínio Archaea, Euryarchaeota (6%) (Figura 1).

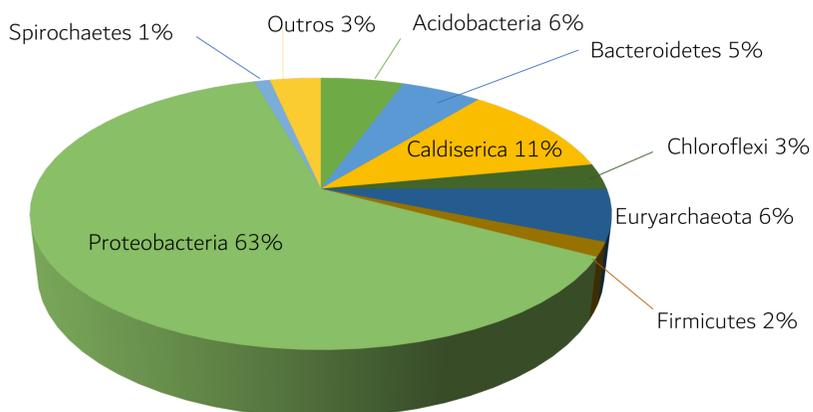


Figura 1: Abundância relativa dos filos mais representativos encontrados na amostra.

No total foram encontrados 21 gêneros, entre eles, evidenciam-se por sua abundância relativa *Thiokalivibrio*, *Caldisericum*, *Smitella* e *Syntrophus* (Figura 2). O gênero *Syntrophus* atua na acetogênese, importante etapa da digestão anaeróbia (DA). De acordo com Kunz et al. (2017), para esse processo ser favorável, ele deve ocorrer associado ao consumo de hidrogênio, o que pode estar relacionado a maior abundância de arqueas hidrogenotróficas, como *Methanolinea*. Assim, a simbiose entre esses microrganismos possibilita a produção de acetato, substrato para produção de CH<sub>4</sub>, etapa final da DA.

### CONCLUSÕES

O estudo revelou grande diversidade microbiana no lodo do reator UASB, com microrganismos representantes de todas as etapas da digestão anaeróbia. A partir da análise metataxonômica pode-se verificar quais os microrganismos mais representativos, aspectos positivos e eventuais desequilíbrios na comunidade microbiana. Dessa forma, essa pesquisa poderá fornecer subsídios para técnicos e operadores buscarem alternativas na solução de problemas e futuramente promover melhorias nos reatores UASB para otimizar a remoção da matéria orgânica presente nos esgotos domésticos.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AIDA et al. (2014) **Anaerobic sulfur-oxidizing microbial communities**. Journal of Bioscience and Bioengineering. V.118, p. 540-545.
- JACKSON et al. (1999) **Syntrophus aciditrophicus a new anaerobic bacterium that degrades fatty acids and benzoate in syntrophic association with hydrogen-using microorganisms**. Arch Microbiol, **171**, 107-114.
- KUNZ et al. (2019) **Fundamentos da digestão anaeróbia, purificação do biogás, uso e tratamento do digestato**. EMBRAPA Suínos e Aves. 219 p.
- REHMAN et al. (2019) **Anaerobic digestion**. Water Environment Research, Tianjin, v. 91, n. 10, p. 1253-1271.
- SAKAI et al. (2012) **M. mesophila sp. nov., a hydrogenotrophic methanogen isolated from rice field soil, and proposal of the archaeal family Methanoregulaceae fam. nov. within the order Methanomicrobiales**. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, **62**, 1389-1395.
- SOROKIN et al. (2001) **T. aerophilum gen. nov., sp. nov. and T. sibiricum sp. nov., and T. versutus gen. nov., sp. nov., T. nitratiss sp. nov. and T. denitrificans sp. nov., novel obligately alkaliphilic and obligately chemolithoautotrophic sulfur-oxidizing bacteria from soda lakes**. v. 51, p. 565-580.