



ANÁLISE E CARACTERIZAÇÃO FUNCIONAL ASSOCIADA À COMUNIDADE MICROBIANA PRESENTE EM REATOR EM ESCALA REAL TRATANDO ESGOTO DOMÉSTICO

MicrobiomaETE

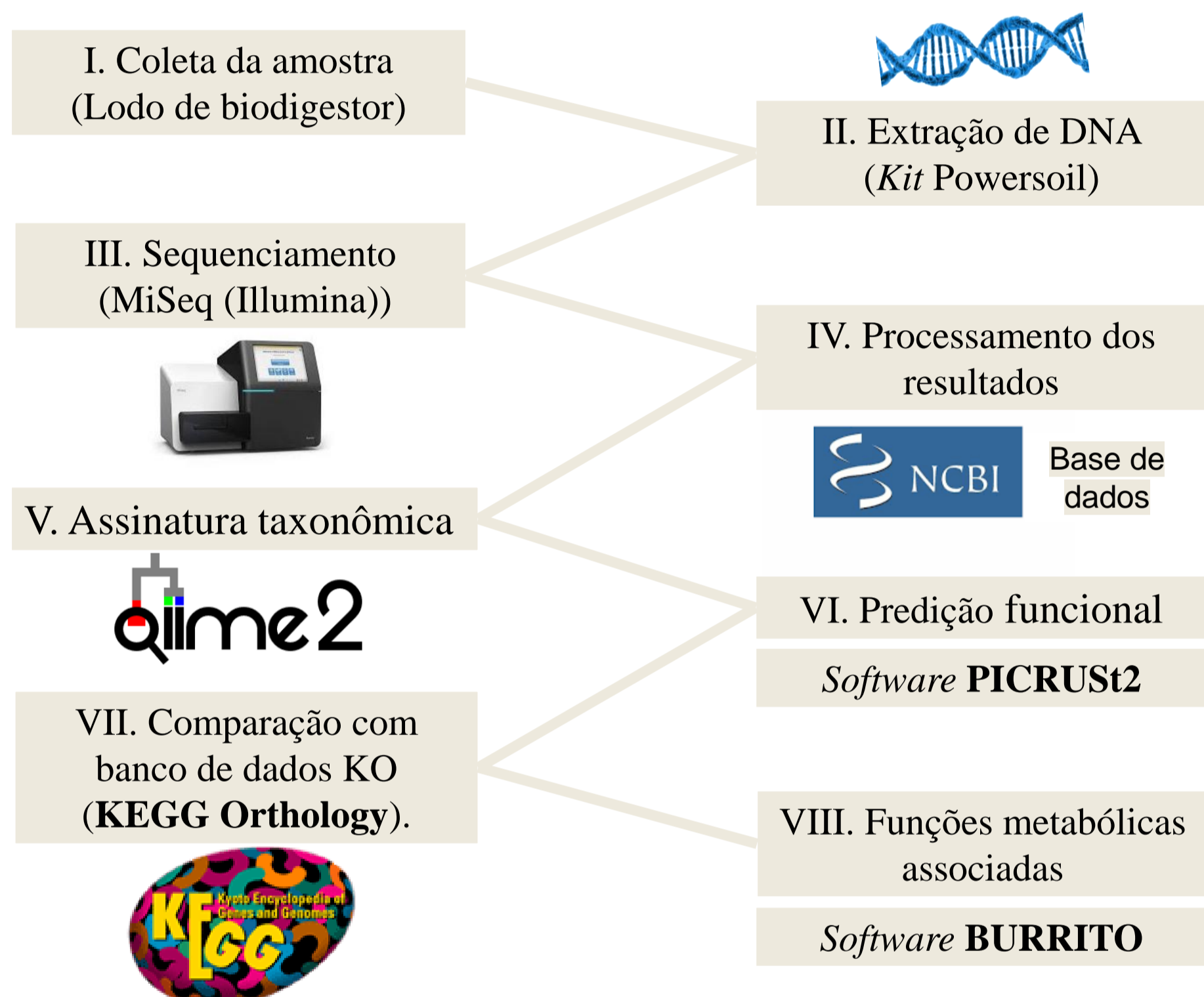
Naline Laura Lora, Juliano Gaio, Suelen Osmarina Paesi (Orientadora)



INTRODUÇÃO / OBJETIVO

Condições inadequadas de saneamento básico contribuem para a propagação de doenças e contaminação de corpos d'água. As estações de tratamento de efluentes (ETE) têm uma importante função para mitigar esses impactos, buscando através de processos físicos, químicos e biológicos reduzir o potencial poluidor desses sistemas. Processos biológicos, onde microrganismos são responsáveis pela redução da matéria orgânica, são amplamente utilizados. Sendo assim, conhecer e compreender a dinâmica dessas comunidades microbianas é fundamental para que a porção orgânica seja degradada de maneira eficaz. O presente trabalho buscou inferir as principais funções associadas à comunidade microbiana presente no lodo de um reator em escala real tratando esgoto doméstico.

MATERIAIS E MÉTODOS



RESULTADOS E DISCUSSÃO

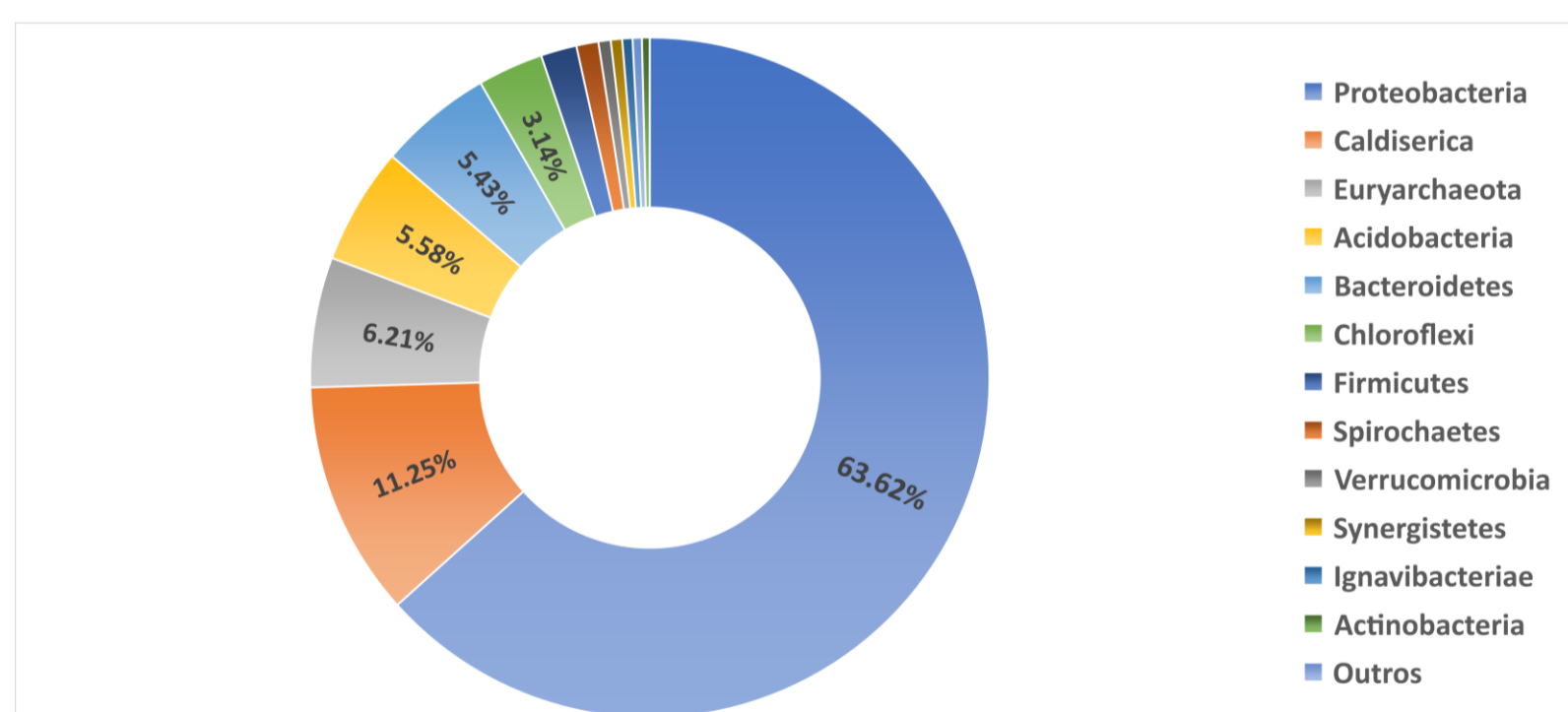


Figura 1 Abundância relativa dos 11os mais abundantes encontrados na amostra

Os filos mais abundantes na amostra foram Proteobacteria (62,62%), Caldiserica (11,25%) e Acidobacteria (5,58%) do Domínio Bacteria. Esses filos apresentam membros relevantes relacionados à etapa de acidogênese, ao metabolismo de compostos sulfurosos e à degradação de carboidratos, respectivamente. No Domínio Archaea o filo predominante foi Euryarchaeota (6,21%), com representantes da etapa de metanogênese da digestão anaeróbica (Fig. 1)

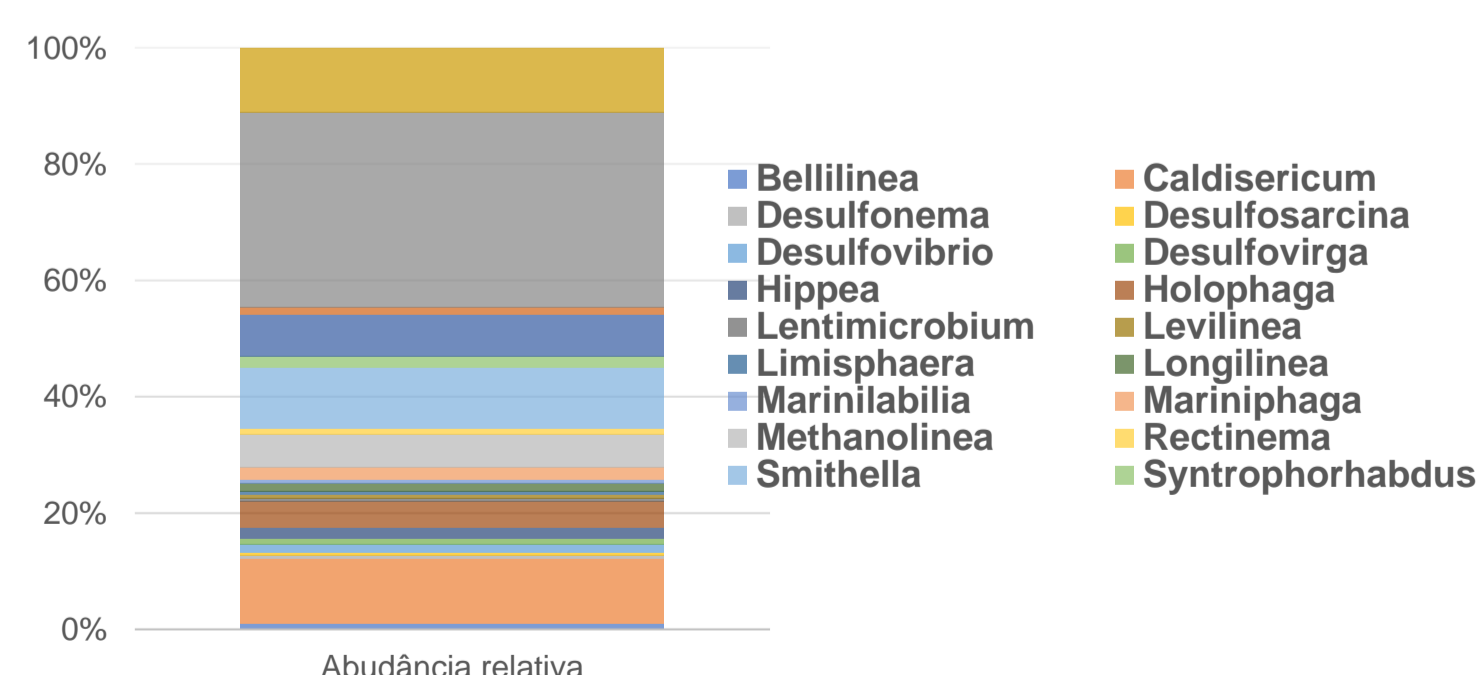


Figura 2 Abundância relativa dos gêneros mais abundantes encontrados na amostra

Os gêneros mais abundantes foram *Thioalkalivibrio* (33,6%), envolvido na desnitrificação, *Caldisericum* (11,20%), relacionados com a redução de compostos sulfurosos, *Smithella* (10,45%), importante gênero com relação sintrófica com arqueas produtoras de metano. O gênero *Methanolinea* (5,7%), arquea hidrogenotrófica produtora de metano a partir da metabolização de CO₂ e H₂ foi o gênero mais abundante do domínio Archaea.

Para que a redução da carga orgânica ocorra de maneira eficaz no reator, as bactérias envolvidas na digestão anaeróbica devem estar presentes em equilíbrio. Desse modo, a constituição de uma relação sintrófica entre os microrganismos em cada etapa do processo, resultará em uma maior produção de metano.

Microrganismos do gênero *Smithella* e *Syntrophus* (Fig. 2) aparecem em relativa abundância pelo seu papel sintrófico com arqueas metanogênicas, metabolizando propionato e benzoato, respectivamente, à acetato, o principal substrato utilizado pelas arqueas metanogênicas acetoclasticas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

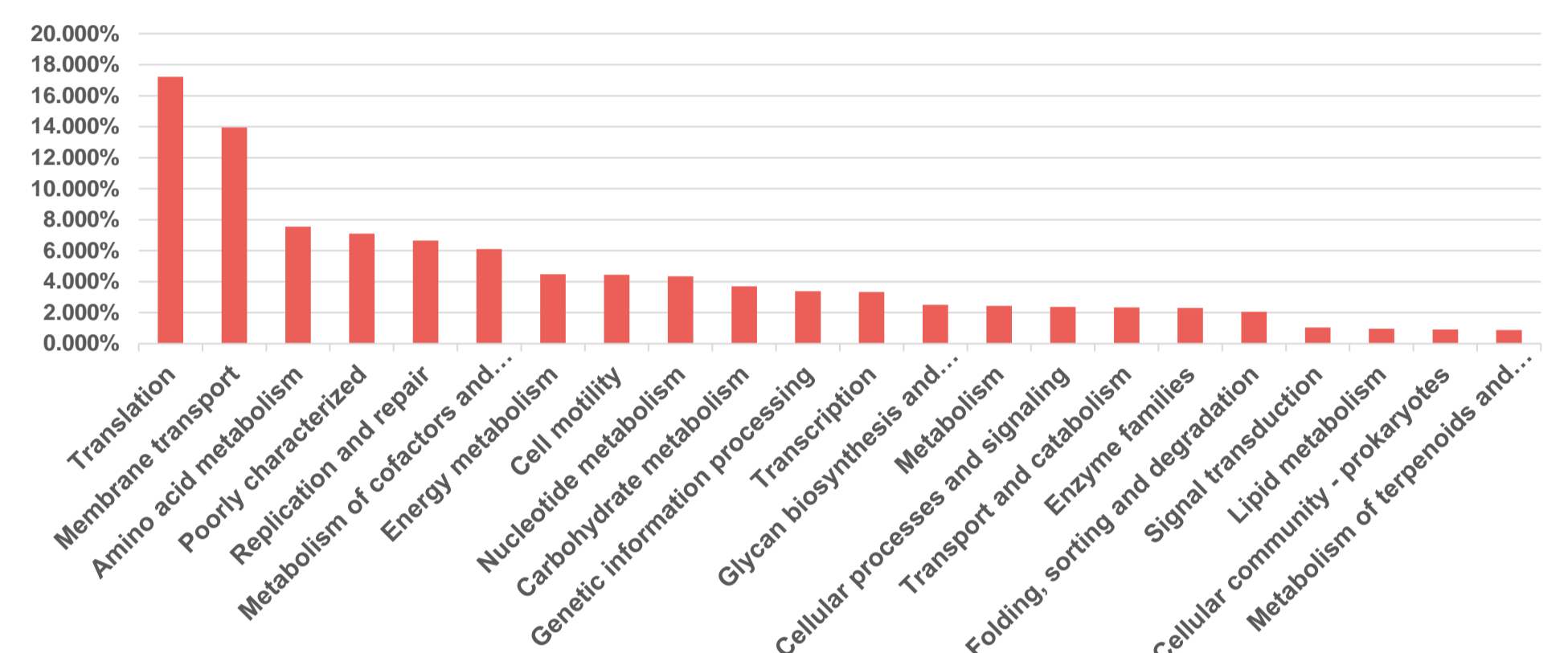


Figura 3 Abundância relativa das principais funções metabólicas inferidas da comunidade

A partir dos 3.082 genes encontrados, foi possível prever as principais funções metabólicas associadas a comunidade microbiana. Entre as funções (Fig. 3) mais representativas destacaram-se: mecanismos celulares de tradução (17,21%), transporte de membrana (13,95%), metabolismo de aminoácidos (7,54%) Na categoria *Superpathway* cerca de 7% dos resultados foram rotas não caracterizadas, demonstrando que apesar do crescente número de estudos sobre a comunidade microbiana e suas caracterização funcional, ainda carece-se de informações sobre a função específica dos microrganismos envolvidos na digestão anaeróbica.

Na categoria metabolismo de aminoácidos e carboidratos (Fig. 3), a abundância diferencial dessas funções, refletem a composição do esgoto doméstico, o qual apresenta uma elevada quantidade de biomoléculas como carboidratos e proteínas (Huang et al., 2010).

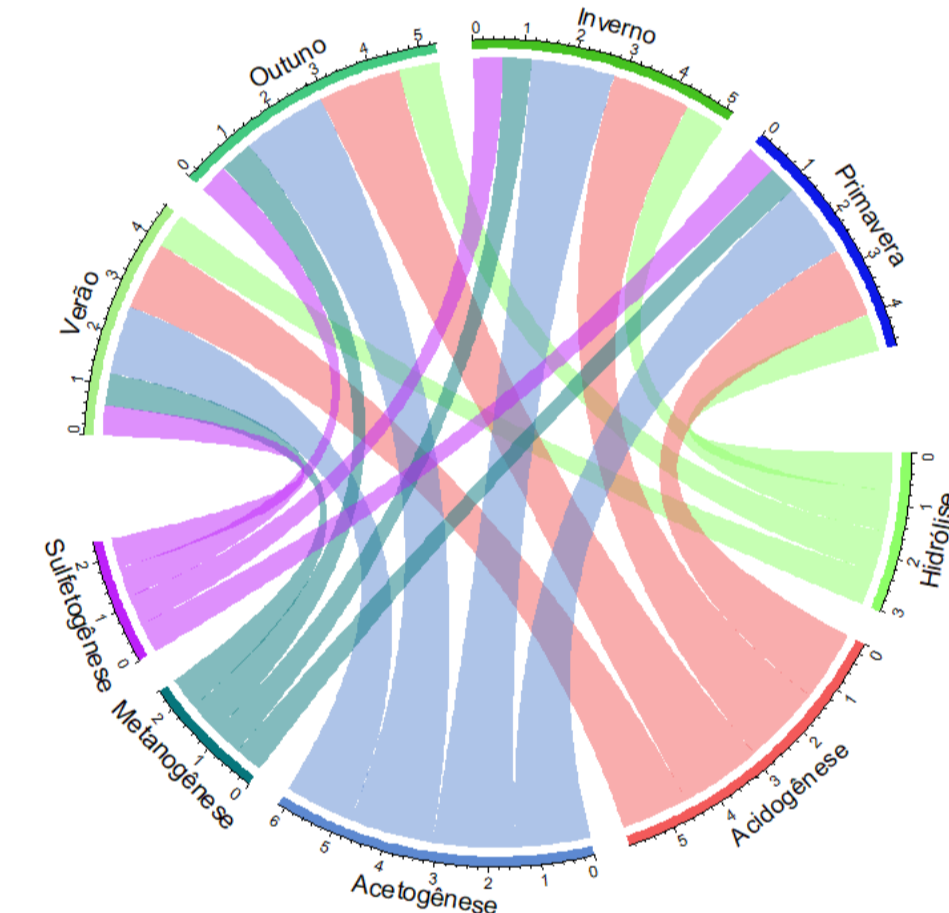


Figura 4 Abundância relativa de genes envolvidos em etapas da digestão anaeróbica divididos por estação do ano

No presente estudo foi possível prever os genes mais abundantes em cada etapa da digestão anaeróbica (Fig 4): genes nas etapas de acetogênese e acidogênese prevalecem no período de estudo, correlacionados com os grupos taxonômicos *Desulfovibrio*, *Smithella*, *Longilinea* e *Syntrophus* (Fig. 2). A partir disso, alguns genes representativos como sucC (K01902), responsável pela codificação da enzima succinyl-CoA synthetase, fdoG (K00123), responsável pela codificação de formate dehydrogenase e cys (K00390), que codifica phosphoadenosine phosphosulfate reductase, estão intimamente relacionados à etapas de acidogênese, acetogênese e sulfetogênese respectivamente.

Genes como porA(K00169), porD(K00171) que codificam a enzima pyruvate ferredoxin oxidoreductase e adhE (K04072) responsável pela codificação de acetaldehyde dehydrogenase / alcohol dehydrogenase estão envolvidos com a produção de hidrogênio na etapa acetogênese, o qual é o substrato utilizado pela arquea *Methanolinea*, que além de manter concentrações parciais de hidrogênio dentro do sistema, permitem que a acetogênese ocorra normalmente em condições termodinâmicas favoráveis. (Kunz et al., 2019)

Além disso, microrganismos abundantes como *Caldisericum* e *Desulfovibrio* contribuíram para a significativa quantidade de genes envolvidos na sulfetogênese. Visto que, com a presença de sulfato no processo, muitos compostos intermediários podem ser utilizados pelas bactérias sulforetutoras, causando alteração nas rotas metabólicas no digestor anaeróbico e consequentemente um desequilíbrio no sistema devido à produção de sulfetos (Chernicharo, 1997).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A partir das análises realizadas pode-se verificar a importância da comunidade microbiana no processo de degradação de material orgânico. Sendo assim, foi possível concluir que a digestão anaeróbica que ocorre dentro desse sistema é realizada por uma comunidade microbiana complexa. Sendo assim, conhecer os grupos taxonômicos, suas relações e funções metabólicas que ocorrem no processo é fundamental para melhorar a operação desses sistemas, para torna-los mais estáveis e eficientes na remoção da carga orgânica desejada.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AIDA et al. (2014) *Journal of Bioscience and Bioengineering*. V.118.
 CHERNICHARO, C. A. (1997). *Reatores Anaeróbicos*.
 HUANG MH, Li YM, Gu GW (2010) *Desalination*, v.262
 KUNZ et al. (2019) *EMBRAPA Suínos e Aves*. 219 p.
 LIU F, HU X, ZHAO X, et al (2018). *Environ Eng Sci* 1–8.
 PESCADOR, F. (2001). Tratamento de esgoto domestico em reatores sequenciais em batelada anaeróbicos (RSBAn)
 REHMAN et al. (2019) *Water Environment Research*,v. 91, n. 10.
 SAKAI et al. (2012) *M. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62.
 SOROKIN et al. (2001). *Int J Syst Evol Microbiol*.
 TIAN G, Xi J, YEUNG M, REN G (2020) *Sci Total Environ* 724:137977.