



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

Naline Laura Lora (Estágio UCS), Juliano Gaio, Suelen Osmarina Paesi (Orientador(a))

A poluição hídrica está relacionada com o lançamento de águas residuárias não tratadas ou submetidas a processos de depuração ineficazes, causando problemas ambientais e na saúde humana. Para mitigar esse problema são implementados em Estações de Tratamento de Efluentes (ETE) vários processos, incluindo etapas físico-químicas e biológicas que buscam reduzir o potencial poluidor desses efluentes. O uso de microrganismos anaeróbios para degradar a matéria orgânica é amplamente utilizada, desse modo compreender a dinâmica da microbiota associada a esses sistemas está diretamente relacionada à busca por melhorias na eficiência do tratamento. O presente trabalho buscou inferir as principais funções associadas à comunidade microbiana presente no lodo de um reator em escala real tratando esgoto doméstico. Para isso, realizou-se coleta de lodo de um digestor UASB, as amostras foram submetidas à extração de DNA e sequenciamento de nova geração. Os dados foram processados com o *software* QIIME 2 e os dados taxonômicos foram obtidos utilizando a base de dados NCBI. A análise de predição funcional foi realizada com o *software* PICRUSt2 mediante comparação com o banco de dados KO (KEGG Orthology). Os genes obtidos foram utilizados para a obtenção das principais funções metabólicas associadas no *software* BURRITO. Os filos predominantes foram Proteobacteria e Caldiseptica (Bacteria) e Euryarchaeota (Archaea), do total de gêneros obtidos (21) destacaram-se *Smitella* (Metabolismo propionato), *Caldisepticum* (Redução compostos sulfurosos) e *Methanolinea* (Arquea hidrogenotrófica). Quanto à predição funcional foram encontrados 6.853 genes que participam da digestão anaeróbia. Entre as funções metabólicas mais representativas estiveram presentes mecanismos celulares de tradução, transporte de membrana, metabolismo de aminoácidos e carboidratos. A partir disso, os genes GCSH (K02437) e gph (K01091) destacaram-se em abundância e estão relacionadas às funções metabólicas mais representativas. O esgoto é composto majoritariamente por aminoácidos, carboidratos e proteínas, o que influencia a abundância da expressão gênica e de microrganismos, mostrando que a diversidade microbiana está relacionada ao tipo de substrato utilizado. Logo, conhecer os microrganismos e o metabolismo funcional que ocorre no reator é um procedimento importante para o processo de digestão anaeróbia, podendo melhorar a operação desses sistemas tornando-os estáveis e eficientes na remoção da carga orgânica.

Palavras-chave: Biodigestor, Predição funcional, Ecologia microbiana

Apoio: UCS