

Introdução

Os processos de tratamento biológico são a abordagem principal utilizada para o tratamento de efluentes, devido sua alta eficiência na remoção de matéria orgânica e baixo custo operacional. A maioria das bactérias presentes neste ambiente não podem ser isoladas utilizando técnicas dependentes de meios de cultura tradicionais. Abordagens moleculares têm ajudado a elucidar a presença destes organismos, permitindo um maior conhecimento sobre a diversidade de comunidades complexas.

Objetivos

O presente estudo objetivou avaliar a comunidade microbiana presente na estação de tratamento de águas residuais do Polo Petroquímico do Sul, abordando parâmetros físicos, químicos e biológicos, além de comparar o uso das técnicas MALDI-TOF e 16SrDNA para a identificação de isolados bacterianos ambientais.

Metodologia

Local: Sistema Integrado de Tratamento de Efluentes Líquidos (SITEL) – CORSAN, localizado em Triunfo, Rio Grande do Sul

Pontos de coleta: Entrada do efluente, Lodo ativado(L_A) e Lagoas de estabilização (L₁, L₃, L₆ e L₈), conforme Figura 1.

Data das coletas: maio (C₁), agosto (C₂), dezembro (C₃)/2015 e março/2016 (C₄)



Figura 1. Imagem aérea. L_A: Lodo ativado; L₁-L₈: lagoas de estabilização em série.

- Análises físico-químicas: Entrada e L₈ (TOXILAB)
- Análises microbiológicas segundo Tabela 1.

Tabela 1. Metodologias aplicadas para quantificação de microrganismos.

Microrganismo	Metodologia
Heterotróficas	"pour plate" – meio PCA Lodo: 10 ⁻² a 10 ⁻⁶ Lagoas: 10 ⁻¹ a 10 ⁻³
Redutoras de nitrato	Caldo nitrato (APHA, 2005)
Desnitrificantes	Mendonça (2012)
Redutoras de sulfato	SIM (APHA, 2005)

- Análises moleculares de acordo com a Figura 2.

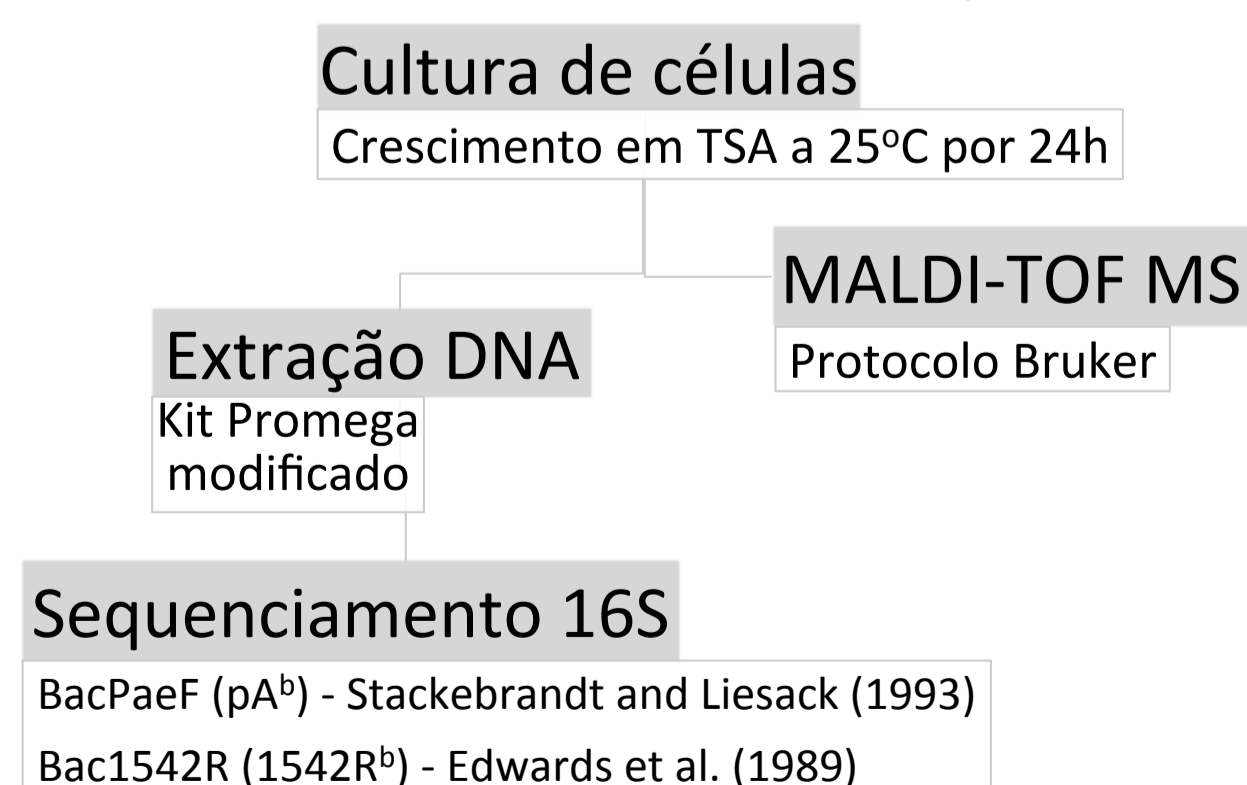


Figura 2. Fluxograma de processo das metodologias moleculares adotadas.

Referências

APHA – American Publishing Health Associated. Standards methods for the examination of water and wastewater. 21 ed. 2005.

Stackebrandt E, Liesack W (1993) Nucleic acids and classification. Academic Press, London.

Edwards U, Rogall T, Blockerl H, Emde M, Bottger EC (1989). Isolation and direct complete nucleotide determination of entire genes. Characterization of a gene coding for 16S ribosomal RNA. Nucleic Acids Res 17:7843–7853

Resultados

- Análises microbiológicas: a quantificação de microrganismos se mostrou proporcional a redução de matéria orgânica, de acordo com a Tabela 2.

Tabela 2. Quantificação das bactérias redutoras de sulfato, nitrificantes e desnitrificantes. (NMP.100mL⁻¹)

Teste	Ponto	C1	C2	C3	C4
R. sulfato	AS a FL8	>1600	>1600	>1600	>1600
	AS	>1600	>1600	>1600	>1600
Nitrificantes	FL1	>1600	280	1600	900
	FL3	>1600	220	900	280
	FL6	>1600	2	280	220
	FL8	>1600	2	220	2
Desnitrificantes	AS	1600	1600	1600	1600
	FL1	170	350	350	1600
	FL3	170	280	350	300
	FL6	170	220	210	300
	FL8	170	140	110	300

- Análises físico-químicas: os resultados foram obtidos segundo parâmetros CONAMA.

- Comparação MALDI-TOF MS e 16S rDNA conforme Figura 3.

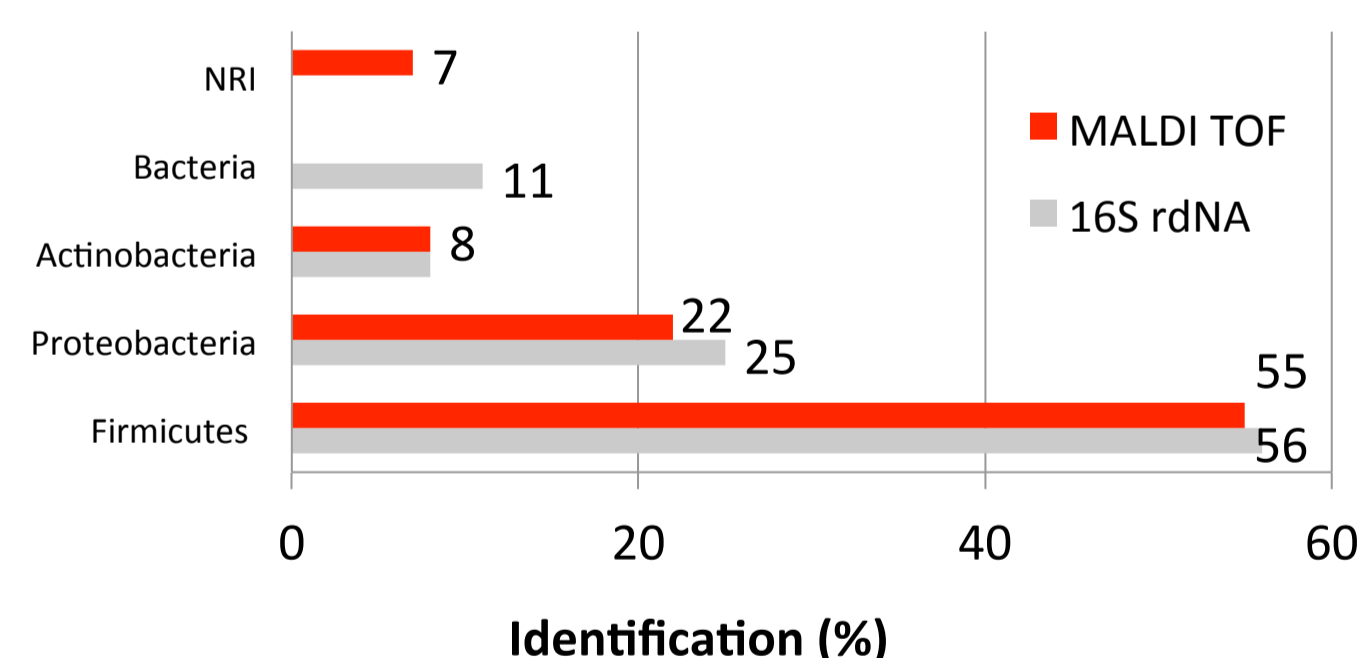


Figura 3. Classificação e comparação dos isolados identificados pelas técnicas MALDI-TOF MS e sequenciamento do gene 16S rDNA.

NRI:

Myroides phaeus (isolados 3, 4 e 16)

Gordonia amicalis (isolado 13)

Acinetobacter calcoaceticus (isolado 37)

Conclusões e Perspectivas

O processo de tratamento biológico estudado mostrou-se eficiente pela redução dos principais parâmetros físico-químicos.

A técnica MALDI-TOF MS mostrou-se eficiente para identificação de isolados ambientais.

Como perspectivas, este projeto objetiva aplicar a metodologia *Ion Torrent* para avaliar a diversidade de microrganismos ambientais.

Agradecimentos