

XIII



**SIMPÓSIO BRASILEIRO DE
MICROBIOLOGIA
APLICADA**

ANAIS

PORTO ALEGRE, 25 A 27 DE MARÇO DE 2021

XIII



**SIMPÓSIO BRASILEIRO DE
MICROBIOLOGIA
APLICADA**

Editado por

Andreza Francisco Martins

Amanda de Souza da Motta

Patricia Valente da Silva

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
PORTO ALEGRE, 25 A 27 DE MARÇO DE 2021**

Anais

XIII

**Simpósio Brasileiro de
Microbiologia Aplicada**

25 a 27 de março de 2021, Porto Alegre, Brasil

ISSN 2237-1672

Porto Alegre, Brasil

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

2021

IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES MICROBIANAS EM ESTAÇÕES DE TRATAMENTO DE ESGOTO DE PORTO ALEGRE.

Marcelo Airton Silva de Oliveira¹, Fernando Castello Eltz¹, Thaisla Cristiane Borella da Silva¹, Gertrudes Corção¹

(marcelo.airton@ufrgs.br)

1- Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Compreender a diversidade bacteriana de um ambiente é fundamental para conhecer a dinâmica de interação entre microrganismos, presença de bactérias com genes de resistência a antibióticos e avaliação do ecossistema. Para caracterizar a abundância microbiana em efluentes e afluentes de estações de tratamento de esgoto (ETEs) de Porto Alegre, foi utilizada a técnica de culturômica e espectrometria de massa para isolar os microrganismos e estabelecer a taxonomia das espécies. Amostras de água superficial do efluente e do afluente das estações de Tratamento de Esgoto Navegantes e Serraria do Departamento de Água e Esgoto (DMAE) de Porto Alegre foram coletadas utilizando um frasco estéril e armazenadas a 4°C até o processamento, realizado em 2 a 3 horas após a coleta. As amostras foram semeadas em caldo *Brain Heart Infusion Broth*, na proporção 1:100, e incubadas à 35 °C durante 30 dias. A cada semana foi extraído 1 mL deste meio de cultivo, o qual foi diluído, semeado em *Tryptic Soy Agar* e *MacConkey Agar* e re-incubado à 35 °C. Posteriormente, foram analisadas as características morfológicas das colônias bacterianas. Estas foram re-isoladas em *Tryptic Soy Agar* e sua pureza verificada pelas características morfológicas e coloração de Gram. Ao serem consideradas puras, as colônias foram submetidas à análise MALDI-TOF MS para identificação das espécies. As análises encontram-se ainda em progresso, no entanto, temos 24 de 158 colônias purificadas e foi possível identificar pelo menos 11 espécies diferentes de bactérias nas amostras. Quanto a distribuição das espécies, na ETE Navegantes encontramos 10 espécies e na ETE Serraria, 1 espécie até o momento. Ao longo do cultivo verificamos que *Bacillus licheniformis* e *Bacillus subtilis* estavam presentes apenas nas alíquotas iniciais e *Clostridium tertium* e *Rummeliibacillus pycnus* nas finais, enquanto as espécies *Enterococcus avium*, *Enterococcus faecium* e *Lysinibacillus boronitolerans* foram encontradas em todas as alíquotas. Dentre as cepas encontradas, o gênero *Bacillus* é o que mais apresenta espécies diversificadas até o momento. As ETEs recebem afluentes de diversos locais e natureza, mas até o momento não foi possível analisar se isto causa algum impacto quanto à diversidade observada. São necessárias mais análises para determinar se a alternância das espécies ao longo do cultivo pode estar relacionada às alterações devido aos metabólitos produzidos neste período ou por outros fatores.

Palavras-chave: diversidade bacteriana, culturômica, MALDI-TOF MS, estações de tratamento de esgoto.

Agências de Fomento: FAPERGS, FAURGS.