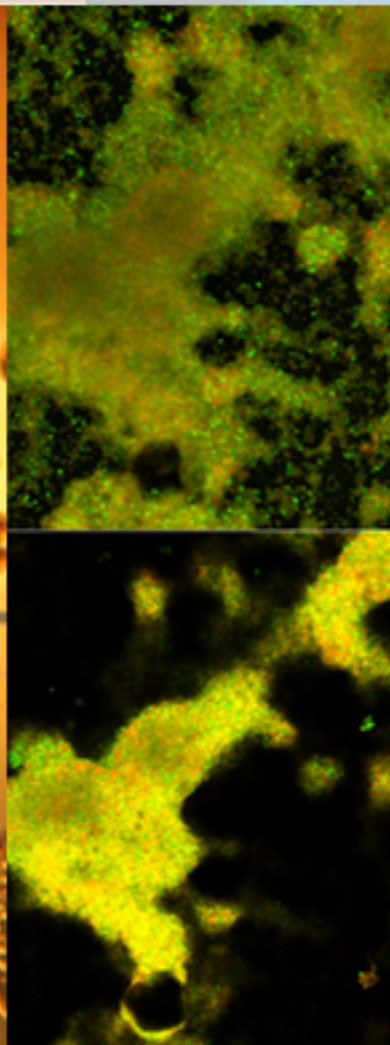
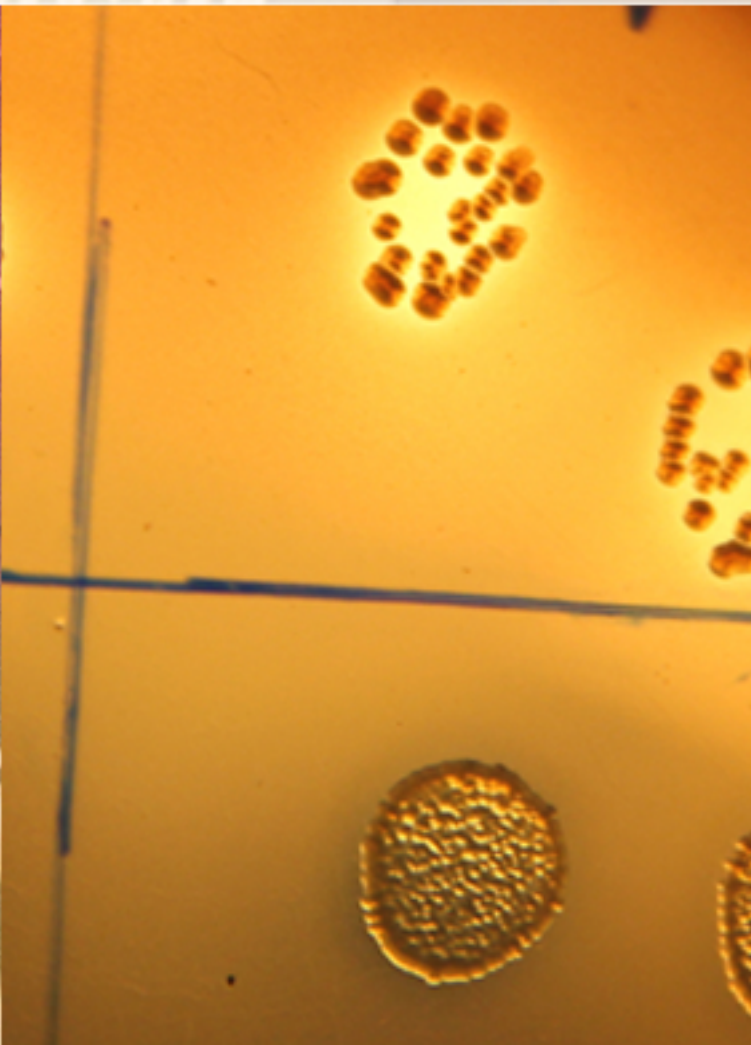




Congresso internacional de microbiologia em língua Portuguesa

# Microbiologia 2024

# LIVRO DE RESUMOS



## Comunidades bacterianas e resistência a antibióticos em água residual tratada e em água doce

Inês Leão<sup>1</sup>, Jorge Antunes<sup>1</sup>, Inês Baptista<sup>2</sup>, Ruben Jorge<sup>2</sup>, Luís Marinheiro<sup>3</sup>, Stefan Löblich<sup>3</sup>, Ivone Vaz-Moreira<sup>1</sup>, Célia M. Manaia<sup>1</sup>

1 Universidade Católica Portuguesa, CBQF - Centro de Biotecnologia e Química Fina – Laboratório Associado, Escola Superior de Biotecnologia, Rua de Diogo Botelho 1327, 4169-005 Porto, Portugal

2 Wedotech Lda., Rua do Seixal 108, 4000-521 Porto, Portugal

3 AST- Soluções e Serviços de Ambiente Lda., Rua do Bairro 400, 4485-010 Aveleda, Portugal

### Resumo

Considerando a necessidade de utilizar águas residuais tratadas para irrigação agrícola, e a baixa aceitação pública desta prática, neste estudo pretendeu-se investigar a evolução da água residual ao longo do tratamento e comparar com fontes de água doce, no que se refere a comunidade bacteriana e perfis de resistência a antibióticos. As amostras foram colhidas em 6 pontos de uma estação de tratamento de água residual (ETAR; efluente bruto, efluente secundário, efluente após filtros de areia e coagulante, efluente após radiação ultravioleta, e armazenamento), sistemas piloto de tratamento avançado (plasma não térmico – PNT, ultrafiltração – UF, UF+ osmose reversa – UF + OR) e de fontes de água doce (duas ribeiras e um furo de captação). As amostras foram analisadas relativamente a diferentes parâmetros de qualidade (carência química de oxigénio, carência bioquímica de oxigénio em 5 dias, sólidos suspensos totais, azoto e fósforo), *Escherichia coli*, genes de resistência a antibióticos e outros (PCR quantitativo), composição da região variável dos integrões de classe 1 (sequenciação, Oxford Nanopore), e composição da comunidade bacteriana com base no gene 16S rRNA (sequenciação, Illumina). O tratamento secundário reduziu a abundância de *E. coli* e dos genes analisados (~1 log-unidade/volume) e diminuiu a diversidade de genes de resistência a antibióticos integrados em integrões. Após filtros de areia e adição de coagulante a redução foi de ~1.5 log-unidade/volume, não se observando efeito após radiação ultravioleta. UF+OR foi o tratamento avançado mais eficaz. Comparando a evolução da água residual e de fontes de água doce é evidente o decréscimo de abundância relativa de membros das famílias *Aeromonadaceae*, *Moraxellaceae*, *Campylobacteraceae*, *Lachnospiraceae* e de abundância e diversidade de genes de resistência a antibióticos (n=32), e de elementos de recombinação genética (n=12) ao longo do tratamento. Contudo a água ultrafiltrada continha maior abundância de alguns genes e outros não detetados em água doce. Comparada com água doce, em que predominavam membros das famílias *Comamonadaceae*, *Chitinophagaceae*, e *Flavobacteriaceae*, a água tratada por UF apresentava uma baixa riqueza taxonómica (~4000 água doce vs. 1200 água UF unidades taxonómicas) e era dominada por membros das famílias *Alcaligenaceae*, *Sphingomonadaceae*, *Chitinophagaceae* e *Microbacteriaceae*. Embora o tratamento avançado tenha melhorado significativamente a qualidade da água residual tratada, o estudo sugere que os processos de tratamento devem ser ajustados ao uso final pretendido e sobretudo representar uma alternativa sustentável ao uso de fontes de água doce.

O Projecto ApR-TEC (NORTE-01-0247-FEDER-047207), projecto financiador deste estudo, foi financiado através do Sistema de Incentivos à Investigação e Desenvolvimento Tecnológico do Portugal 2020, do Programa Operacional do Norte (NORTE 2020) e pelo Fundo Europeu de Desenvolvimento Regional (FEDER). Este trabalho foi financiado também por Fundos Nacionais da Fundação para a Ciência e a Tecnologia (FCT) pelo projecto UIDB/50016/2020.