



# Circuito Regional

*Ciência, Tecnologia e Inovação para  
o Desenvolvimento Sustentável*

## ACOMPANHAMENTO DA EFICIÊNCIA DE SISTEMA DE TRATAMENTO DE EFLUENTES DO TIPO WETLAND

GUSI, Carlos E. <sup>1</sup>; PELISSARI, Catiane<sup>2</sup>; BARATTO, César M.<sup>2</sup>

1. Discente do Curso de Biotecnologia Industrial, Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC); 2. Docente do Curso de Biotecnologia Industrial, Universidade do Oeste de Santa Catarina (UNOESC).

Área: Ciências da Vida e Saúde.

**Introdução:** A avaliação da dinâmica de populações de bactérias nitrificantes e desnitrificantes ativas presentes no maciço filtrante de wetlands construídos verticais de fundo saturado sob diferentes condições operacionais, é fundamental para maximizar a remoção de nitrogênio presente no esgoto sanitário. Nesse contexto, a utilização de novas ferramentas, especialmente as moleculares, é de extrema importância para a melhor compreensão da dinâmica de populações microbiana, entretanto, a etapa de seleção e otimização dos parâmetros é crítico para atingir esse objetivo. **Objetivo:** Utilizar as técnicas de qPCR e RT-qPCR para análise quantitativa de bactérias, assim como, a quantificação de expressão dos genes amoA e nosZ, de bactérias nitrificantes e desnitrificantes. **Método:** Nesta etapa do trabalho foi enfatizado uma revisão visando a obtenção dos principais organismos alvos para estudo e genes ligados ao processo a ser analisado, portanto a definição dos primers ou iniciadores para as técnicas, assim como, a busca de metodologias de extração de DNA e RNA de bactérias dentro do sistema de tratamento Wetland. Além disso, foi realizado o acompanhamento para implantação do sistema de Wetland do tipo vertical de fundo saturado e coleta de amostra para os testes. **Resultados:** Com as pesquisas foram definidas as estratégias para as análises moleculares onde foi seleciona o rRNA ribossomal 16S como comparativo de expressão gênica e determinação da população encontrada no sistema de tratamento, sendo para tal, indicados os primers 1055f



# Circuito Regional

*Ciência, Tecnologia e Inovação para  
o Desenvolvimento Sustentável*

(5'-ATGGCTGTCGTCAGCT-3') e 1392r(5'-ACGGGCGGTGTGTAC-3'), assim como para as análises dos genes *amoA* e *nosZF*, os quais codificam para as enzimas  $\alpha$ -amônia mono-oxigenase e óxido nitroso redutase, respectivamente. Assim, foram selecionadas para as eubacterias os primers *amoA1F* (5'-GGGGTTTCTACTGGTGGT-3') e *amoA2r* (5'-CCCCTCKGSAAAGCCTTCTTC-3'), para archeobacteria *amoA 19Fw* (5'-ATGGTCTGGYTWAGACG-3') e *amoA FRV* (5'-GATGTCCARGCCARTCAG-3') e os primers *nosZF* (5'-WCSYTGTCMTCGACAGCCAG-3') e *nosZR* (5'-ATGTCGATCARCTGVKCRTTYTC-3') para o gene *nosZ* de eubacteria. As primeiras análises demonstram que é possível extrair material genético para amplificação por PCR e RNA total para a RT-PCR mesmo com as dificuldades inerentes aos efluentes para a detecção das bactérias e da expressão dos genes do sistema de Wetland. **Conclusão:** As análises preliminares demonstram que o sistema implantado é ativo, possuindo microrganismos que atuam no processo, entretanto, é necessário o aprofundamento e continuidade deste estudo para a partir da utilização de técnicas moleculares possa ser utilizada como ferramenta de acompanhamento.

**Palavras-chave:** Biologia molecular; Desenvolvimento Sustentável; Meio Ambiente; Sistema wetland.

**Contato:** Carlos Eduardo Gusi; cgusi41@gmail.com

**Agradecimentos:** O autor Carlos Eduardo Gusi agradece ao Programa de Bolsas Universitárias do Estado de Santa Catarina (UNIEDU) pela concessão de bolsa de iniciação científica. Os autores agradecem à FAPESC (Fundação de amparo à pesquisa e a inovação do estado de Santa Catarina) pelos recursos disponibilizados via o EDITAL DE CHAMADA PÚBLICA FAPESC Nº 12/2020 - PROGRAMA DE PESQUISA UNIVERSAL, a partir do Termo de Outorga N. 2021TR1708.