

ANÁLISE METAGENÔMICA DAS COMUNIDADES
BACTERIANAS EM UMA LAGOA COSTEIRA (LAGOA
IMBOASSICA) SUBMETIDA A FORTE PROCESSO DE
EUTROFIZAÇÃO ARTIFICIAL.

Cauã Siqueira Ramos¹, Bruno da Costa Rodrigues², Leandro Barbosa Schuvartz Rocha¹,
Lupis Ribeiro Gomes Neto², Aline Gomes Dias Pinto Monteiro¹, Arieli Bernardo
Portugal², Allan Pierre Bonetti Pozzobon², João Marcelo Silva de Souza¹, Rodrigo Nunes
da Fonseca³, Francisco de Assis Esteves¹

¹ Instituto de Biodiversidade e Sustentabilidade Nupem, Laboratório Integrado de Ecologia Aquática
Macaé, Rio de Janeiro, Brasil

² Instituto de Biodiversidade e Sustentabilidade Nupem, Laboratório Integrado de Ciências
Morfofuncionais, Macaé, Rio de Janeiro, Brasil

³ Instituto de Biodiversidade e Sustentabilidade Nupem, Laboratório Integrado de Doenças Emergentes e
Negligenciadas, Macaé, Rio de Janeiro, Brasil

E-mail: caua.s.r.ufrrj@gmail.com

A Lagoa Imboassica é um importante ecossistema costeiro que historicamente sustentou práticas de pesca tradicional comunitária e hoje está submetido a intensas pressões antrópicas, incluindo atividades turísticas, esportes náuticos e urbanização acelerada. O despejo de efluentes domésticos causa eutrofização progressiva, alterando a qualidade da água e as comunidades microbianas do ambiente. Essa pesquisa caracterizou as comunidades microbianas em quatro pontos da lagoa e avaliou sua resposta aos parâmetros de qualidade de água, identificando bioindicadores de poluição e potenciais riscos à saúde humana. Para o sequenciamento de rDNA 16s, foi utilizado a tecnologia Oxford Nanopore. Também foram analisados os parâmetros limnológicos: nitrogênio, fósforo, clorofila, carbono orgânico, temperatura, turbidez, salinidade, pH e sólidos suspensos totais, avaliando seus efeitos na estrutura e função das comunidades microbianas. Foram identificadas aproximadamente 146 mil unidades taxonômicas, sendo 60% das leituras classificadas taxonomicamente. O ponto 2 (foz do Canal do Mulambo), altamente poluído com efluentes domésticos, apresentou maior riqueza taxonômica (34,25% dos táxons). Os filos predominantes foram de Cyanobacteria, Proteobacteria, Actinobacteriota e Bacteroidota, com distribuição variável entre os pontos. A dominância de Cyanobacteria reforça o estado eutrófico da lagoa. A presença de bioindicadores de poluição e patógenos potenciais evidencia riscos sanitários que comprometem a viabilidade ecológica e sanitária do ecossistema, destacando a urgência do monitoramento microbiano para a restauração ambiental.

Palavras-chave: Poluição; Metagenômica; Comunidade Bacteriana; Lagoa Costeira