CENTRO FEDERAL DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA DE MINAS GERAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM TECNOLOGIA DE PRODUTOS E PROCESSOS

VIVIANE FARIA MORAIS JOTTA

TAXONOMIA E PERFIL FUNCIONAL DA COMUNIDADE MICROBIANA ISOLADA DE PAINEL FOTOVOLTAICO UTILIZANDO METAGENÔMICA *SHOTGUN*

BELO HORIZONTE
2023

VIVIANE FARIA MORAIS JOTTA

TAXONOMIA E PERFIL FUNCIONAL DA COMUNIDADE MICROBIANA ISOLADA DE PAINEL FOTOVOLTAICO UTILIZANDO METAGENÔMICA *SHOTGUN*

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Tecnologia de Produtos e Processos, do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, como requisito para a obtenção do título de Mestre em Tecnologia de Produtos e Processos.

Orientadora: Profa. Dra. Fernanda Badotti.
Co-orientadora: Profa. Dra. Ângela de Mello Ferreira
Co-orientadora: Profa. Dra. Flávia Figueira Aburjaile

BELO HORIZONTE

2023

Jotta, Viviane Faria Morais.
J85t Taxonomia e perfil funcional da comunidade microbiana isolada de painel fotovoltaico utilizando metagenômica *shotgun* / Viviane Faria Morais Jotta. – 2023.
142 f. : il.
Orientadora: Fernanda Badotti.
Coorientadora: Ângela de Mello Ferreira.
Coorientadora: Flávia Figueira Aburjaile.
Dissertação (mestrado) – Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, Programa de Pós-Graduação em Tecnologia de Produtos e Processos, Belo Horizonte, 2023.
Bibliografia.
1. Painéis solares. 2. Biofilmes. 3. Metagenômica. 4. Genética microbiana. 5. DNA - Análise. 6. Extremófilos. I. Badotti, Fernanda. II. Ferreira, Ângela de Mello. III. Aburjaile, Flávia Figueira. IV. Título.

CDD: 572.8629

Ficha elaborada pela Biblioteca - *campus* Nova Suíça - CEFET-MG
Bibliotecária: Rosiane Maria Oliveira Gonçalves - CRB6-2660

VIVIANE FARIA MORAIS JOTTA

TAXONOMIA E PERFIL FUNCIONAL DA COMUNIDADE MICROBIANA ISOLADA DE PAINEL FOTOVOLTAICO UTILIZANDO METAGENÔMICA *SHOTGUN*

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Tecnologia de Produtos e Processos, do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, como requisito para a obtenção do título de Mestre em Tecnologia de Produtos e Processos.

Belo Horizonte, 27 de setembro de 2023.

Aprovada pela Banca Examinadora:

Dra. Fernanda Badotti

Dr. Aristóteles Goes-Neto

Documento assinado digitalmente
gov.br
LUCAS BLEICHER
Data: 05/10/2023 16:01:12-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Dr. Lucas Bleicher

Documento assinado digitalmente
gov.br
PRISCILA PEREIRA SILVA CALDEIRA
Data: 04/10/2023 16:56:10-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Dra. Priscila Pereira Silva Caldeira

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, que sempre colocaram minha educação em primeiro lugar, me apoiaram, me incentivaram, me ensinaram e me motivaram a sempre buscar minha melhor versão! Sem eles nada disso seria possível! Amo muito vocês!

Ao meu irmão, pelo incentivo em melhorar e crescer!

Ao meu marido, que passou por toda essa trajetória comigo, me incentivou, me ajudou e me ouviu sempre. Você é o melhor companheiro e eu amo dividir a vida com você!

Aos meus sogros, Rhânia pelo ensinamento pessoal e apoio emocional e Gerson por me ensinar e me ajudar nos estudos de programação, além de me ouvir sempre. Gratidão!

Aos meus amigos do CEFET e da vida, que me ouviram, incentivaram e ajudaram inúmeras vezes durante esta trajetória. Obrigada pela amizade, ajuda e incentivo. Em especial minha amiga Isabella, que nunca saiu do meu lado. Obrigada por compartilhar essa trajetória comigo. Te amo amiga!

Às minhas orientadoras, Fernanda e Angela, que sempre estiveram presentes e disponíveis. Obrigada pela atenção, orientação, paciência e carinho. Vocês são grandes profissionais! Foi uma honra ser orientada por vocês.

Aos demais professores do CEFET e à instituição, pelo apoio no meu crescimento acadêmico e profissional desde a graduação até o mestrado e pelo apoio financeiro durante toda a trajetória do mestrado.

Ao meu colega, Glen, cuja parceria me fez crescer infinitamente como pesquisadora e como profissional. Agradeço imensamente pela ajuda e mentoria durante a realização deste projeto, sem você eu não estaria aqui. Você é um profissional e uma pessoa incrível!

Aos professores Aristoteles Goés e Bertram Brenig, cujo empenho e parceria tornaram este trabalho possível.

À Maria Silvia, que tornou possível as análises de Espectroscopia Raman, me cedendo seu tempo e conhecimento para realização e interpretação das análises.

Aos membros da banca da qualificação e da defesa, Dra. Priscila Caldeira, Dr. Aristóteles Goés, Dra. Raquel Minardi e Dr. Lucas Bleicher, pelas contribuições com o trabalho.

Por fim, quero agradecer a todos que me ajudaram e que contribuíram de alguma forma para a minha formação e crescimento pessoal, acadêmico e profissional.

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho ao meu pai (*in memoriam*), meu maior exemplo de amor, dedicação e comprometimento. Obrigada por sempre me incentivar e me apoiar. Aqui estão os resultados dos seus esforços.

RESUMO

Os painéis fotovoltaicos apresentam superfícies que permanecem expostas a variações climáticas, tais como temperatura, umidade, radiação solar e pressão atmosférica, além de fenômenos atmosféricos, como chuvas e efeito estufa. Desta forma, esse é considerado um ambiente extremo para o crescimento de microrganismos. Apesar disso, os painéis são colonizados por comunidades microbianas diversas, como bactérias, fungos, vírus e algas. Os painéis fotovoltaicos podem perder sua eficiência pela presença desses microrganismos em sua superfície, visto que eles são capazes de formar biofilmes, o que afeta a captação da luz solar pelo sistema. Desta forma, o estudo e caraterização dos microrganismos que constituem o biofilme proveniente de paineis fotovoltaicos é fundamental para a compreensão dos mecanismos utilizados por esses microrganismos para o estabelecimento das comunidades nesse ambiente inóspito para, futuramente, propor estratégias para combate-los. Nesse estudo, nove amostras de biofilme foram coletadas na superfície de um painel fotovoltaico localizado na região metropolitana de Belo Horizonte (MG), o DNA foi extraído e sequenciado utilizando Metagenômica *shotgun.* A plataforma de sequenciamento utilizada foi a *Illumina 2500* e os dados foram analisados utilizando o *pipeline SqueezeMeta*. A caracterização taxonômica permitiu a identificação de mais de 1.000 gêneros de Bacteria, 20 gêneros de archaea e 400 eucariotos. Diversos gêneros extremófilos e produtores de exopolissacarídeos foram identificados, como *Hymenobacter*, *Pedobacter*, *Mucilaginibacter* e *Sphingomonas*, capazes de sobreviver em condições adversas e formar biofilmes. Considerando os resultados das análises funcionais, mais de 10.000 genes foram identificados nas amostras, sendo que muitos estão envolvidos na formação de biofilmes, resistência à radiação, variação de temperatura, baixa disponibilidade de água e nutrientes. Os dados obtidos até o momento revelam grande potencial para continuaidade dos estudos, abrindo perspectivas como a montagem de genomas completos e o estudo detalhado dos genes e vias metabólicas envolvidos na formação e manutenção dos biofilmes microbianos.

Palavras-chave: Painel fotovoltaico; biofilme; metagenômica; *shotgun*; extremófilos.

ABSTRACT

The photovoltaic panels surfaces remain exposed to variations in weather conditions, such as temperature, humidity, radiation and atmospheric pressure, in addition to atmospheric phenomena, such as rainfall and the greenhouse effect. Thus, this is considered an extreme environment for the growth of microorganisms. Despite this, the panels are colonized by diverse microbial communities, and may contain bacteria, fungi, viruses and algae. Photovoltaic panels can lose their efficiency due to the presence of these microorganisms on their surface, since they are capable of forming biofilms, which affects the capture of sunlight by the system. In this way, the study and characterization of the microorganisms that constitute the biofilm from photovoltaic panels is fundamental for the understanding of the mechanisms used by these microorganisms to establish communities in this inhospitable environment, in order to, in the future, propose strategies that can combat it. In this study, nine biofilm samples were collected from the surface of a photovoltaic panel located in the metropolitan region of Belo Horizonte (MG), and the DNA was extracted and sequenced using the Metagenomic rifle. The sequencing platform used was the Illumina 2500, and the data analyzed using the SqueezeMeta pipeline. The taxonomic characterization allowed the identification of more than 1,000 genera of Bacteria, 20 genera of archaea and 400 eukaryotes. Several extremophile and exopolysaccharide producing genera were identified, such as Hymenobacter, Pedobacter, Mucilaginibacter and Sphingomonas, capable of surviving in adverse conditions and forming biofilms. Considering the results of the psychological analyses, more than 10,000 genes were identified in the samples, many of which are involved in the formation of biofilms, resistance to radiation, temperature and desiccation. The data obtained so far show great study potential for Exection, opening perspectives such as the assembly of genomes and the detailed study of the genes and metabolic pathways involved in the formation and maintenance of microbial biofilms.

Keywords: Photovoltaic panels; biofilm; metagenomics; shotgun; extremophiles

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Representação da matriz energética global 18
Figura 2 – Representação da matriz energética do Brasil 18
Figura 3 – Evolução da capacidade instalada de geração de energia solar no Brasil 19
Figura 4 – Representação da estrutura de um painel fotovoltaico 20
Figura 5 – Representação esquemática das etapas envolvidas na formação de biofilme 22
Figura 6 – Representação da estrutura do biofilme 23
Figura 7 – Representação das etapas do sequenciamento utilizando a plataforma Illumina 28
Figura 8 – Fluxograma das etapas para análise utilizando as abordagens de metagenômica e metataxonômica 30
Figura 9 – Setores da coleta das amostras 1, 2 e 3 no painel fotovoltaico 33
Figura 10 – Detalhe da coleta das amostras com esponja e pinça 34
Figura 11 – Resíduo de uma amostra utilizada para análise por espectroscopia Raman 37
Figura 12 – Espectrofotômetro Raman *Jobin Yvon/Horiba modelo LabRam HR800* 37
Figura 13 – Grupos taxonômicos identificados nas amostras avaliadas neste estudo 39
Figura 14 – Filos de bactérias mais abundantes identificados nas amostras avaliadas neste estudo 41
Figura 15 – Filos de archaeas identificados nas amostras avaliadas neste estudo 42
Figura 16 – Gêneros de bactérias mais abundantes das amostras avaliadas neste estudo 50
Figura 17 – Comparação de gêneros de bactérias mais abundantes identificados no referencial bibliográfico de estudos de painéis fotovoltaicos 58
Figura 18 – Gêneros de archaeas mais abundantes das amostras avaliadas neste estudo 60
Figura 19 – Diagrama de Venn da comunidade procariótica compartilhada entre as amostras D1, D2 e D3 61
Figura 20 – Representação gráfica dos índices de diversidade de Shannon das sub-amostras de D1, D2 e D3 63
Figura 21 – Análise de coordenada principal (PCoA) da diversidade β utilizando a distância de Bray-Curtis e a abundância da comunidade microbiana das sub-amostras de D1, D2 e D3 64
Figura 22 – Filos de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras avaliadas neste estudo 66
Figura 23 – Gêneros de eucariotos mais abundantes das amostras avaliadas neste estudo 68
Figura 24 – Filos de fungos identificados nas amostras avaliadas neste estudo 71

Figura 25 – Generos de fungos mais abundantes identificados nas amostras avaliadas neste estudo 72
Figura 26 – *Heatmap* baseado no perfil funcional das amostras avaliadas neste estudo utilizando o banco de dados KEGG e os 15 genes mais abundantes 77
Figura 27 – Representação da reação de produção de c-di-GMP pela ação das enzimas DGC 81
Figura 28 – *Heatmap* baseado nas 10 principais funções relacionadas à formação de biofilme nas amostras avaliadas neste estudo 83
Figura 29 – Principais microrganismos associados ás funções de formação de biofilme utilizando o termo "biofilm" nos resultados gerados pelo *SqueezeMeta* 84
Figura 30 – *Heatmap* baseado no perfil funcional geral das amostras avaliadas neste estudo utilizando o banco de dados COG. Os 15 genes mais abundantes são apresentados 89
Figura 31 – *Heatmap* baseado no perfil funcional geral das amostras avaliadas neste estudo pelo banco de dados PFAM, apresentando os 15 genes mais abundantes 92
Figura 32 – Espectro do carbono amorfo identificado nos pontos 1, 2, 6 e 7 da sub-amostra D1-1 96
Figura 33 – Espectro da Hematita identificado nos pontos 3 e 5 da sub-amostra D1-1 97
Figura 34 – Espectro da goetita e carbono amorfo identificado no ponto 4 da sub-amostra D1-1 97
Figura 35 – Espectro da calcita identificada nos pontos 8, 10 e 11 da sub-amostra D1-1 98
Figura 36 – Espectro da muscovita identificada no ponto 9 da sub-amostra D1-1 99
Figura 37 – Espectro da hematita identificada nos pontos 1, 4 e 6 da sub-amostra D2-1 100
Figura 38 – Espectro do anatasio identificada no ponto 2 da sub-amostra D2-1 100
Figura 39 – Espectro do quartzo identificada nos pontos 3 e 9 da sub-amostra D2-1 101
Figura 40 – Espectro da calcita identificada nos pontos 5 e 10 da sub-amostra D2-1 101
Figura 41 – Espectro da goethita identificada no ponto 7 da sub-amostra D2-1 102
Figura 42 – Espectro do carbono amorfo identificada no ponto 8 da sub-amostra D2-1 102
Figura 43 – Espectro do rutilo identificado nos pontos 1 e 6 da sub-amostra D3-1 103
Figura 44 – Espectro do carbono amorfo identificado no ponto 2 da sub-amostra D3-1 104
Figura 45 – Espectro do quartzo identificado no ponto 3 da sub-amostra D3-1 105
Figura 46 – Espectro da hematita identificada nos pontos 4, 7 e 8 da sub-amostra D3-1 105
Figura 47 – Espectro do ortoclásio identificado no ponto 5 da sub-amostra D3-1 106
Figura 48 – Representação da estrutura cristalina de um spinel de ferrita 107

Figura 49 – Espectro da ferrita identificada no ponto 9 da sub-amostra D3-1 com as bandas características da ferrita de ferro (verde), de cobalto (vermelho) e de zinco (preto) 107
Figura 50 – Espectro da crocoíta identificada no ponto 10 da sub-amostra D3-1.....108

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 – Vantagens e limitações associadas às abordagens de metagenômica e metataxonômica.....29
Quadro 2 – Esquema das replicatas técnicas e biológicas das amostras coletadas 34
Quadro 3 – Comparação de filos de bactérias mais abundantes identificados no referencial bibliográfico de estudos de painéis fotovoltaicos e neste trabalho.....43
Quadro 4 – Comparação de gêneros de bactérias mais abundantes identificados no referencial bibliográfico de estudos de painéis fotovoltaicos.....55
Quadro 5 – Comparação entre as funções identificadas nos bancos de dados KEGG, COG e PFAM 94
Quadro 6 - Substâncias identificadas pela análise de espectroscopia Raman na sub-amostra D1-1 95
Quadro 7 - Substâncias identificadas pela análise de espectroscopia Raman na sub-amostra D2-1 99
Quadro 8 – Substâncias identificadas pela análise de espectroscopia Raman na sub-amostra D3-1 103
Quadro 9 – Comparação entre os minerais identificados nas sub-amostras D1-1, D2-1 e D3-1 108

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Estatísticas do sequenciamento metagenômico considerando todas as amostras do painel fotovoltaico 38
Tabela 2 – Resumo dos resultados do sequenciamento metagenômico das amostras avaliadas neste estudo 38
Tabela 3 – Grupos taxonômicos identificados nas amostras avaliadas neste estudo e suas respectivas abundâncias relativas 39
Tabela 4 – Filos de bactérias mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa 40
Tabela 5 – Gêneros de bactérias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D1 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa 44
Tabela 6 – Gêneros de bactérias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D2 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa 46
Tabela 7 – Gêneros de bactérias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa. 47
Tabela 8 – Média das abundâncias relativas entre os gêneros das bactérias mais abundantes das sub-amostras de D1, D2 e D3 49
Tabela 9 – Índices de diversidade de Shannon e Simpson para as sub-amostras de D1, D2 e D3 62
Tabela 10 – Filos de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa 65
Tabela 11 – Gêneros de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa, considerando as médias das sub-amostras 67
Tabela 12 – Resultados do processamento de dados pelo software *SortMeRNA* nas sub-amostras do painel fotovoltaico 70
Tabela 13 – Filos de fungos identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa 71
Tabela 14 – Gêneros de fungos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa 72
Tabela 15 – Genes mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 utilizando o banco de dados KEGG 75

Tabela 16 – Genes mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 utilizando o banco de dados COG.....87
Tabela 17 – Genes mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 utilizando o banco de dados PFAM 91

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO 14

2. OBJETIVOS 16

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 17

3.1. Energia renovável e painéis fotovoltaicos 17

3.2. Biofilmes 20

3.3. Metagenômica 26

3.4. Metagenômica de painéis fotovoltaicos 30

4. METODOLOGIA 33

4.1. Coleta das amostras 33

4.2. Extração de DNA 34

4.3. Sequenciamento de DNA 35

4.4. Bioinformática e testes estatísticas 35

4.5. Caracterização por Espectroscopia Raman 36

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO 38

5.1. Análises taxonômicas 39

5.1.1. Procariotos 40

5.1.2. Análises da distribuição da comunidade procariótica do painel fotovoltaico 61

5.1.3. Análises da diversidade da comunidade procariótica do painel fotovoltaico 62

5.1.4. Eucariotos 65

5.2. Análises funcionais 75

5.2.1. Banco de dados KEGG 75

5.2.2. Banco de dados COG 87

5.2.3. Banco de dados PFAM 91

5.3. Caracterização por espectroscopia Raman 94

6. CONCLUSÕES 111

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 112

8. ANEXOS 138

1. INTRODUÇÃO

A energia solar vem ganhando cada vez mais espaço no mundo, pois, além de ser uma fonte limpa e sustentável, é abundante e praticamente inesgotável. Com o crescente aumento dos impactos ambientais, a utilização de energias renováveis vem sendo cada vez mais incentivada em várias regiões do mundo. A utilização de energia solar pode reduzir a dependência de energias não renováveis, que são esgotáveis e causam diversos impactos ambientais. Assim, existe uma necessidade crescente do estudo e aprimoramento dessas tecnologias, com o intuito de reduzir suas limitações e aplicá-las em larga escala (BEZERRA, 2021, TOLMASQUIM, 2016).

O painel fotovoltaico é uma alternativa renovável e sustentável em relação a utilização de combustíveis fósseis, sendo capaz de transformar energia solar em energia elétrica. De acordo com Fossati *et al.* (2021), nos próximos 30 anos estima-se um aumento de 40% a 55% na utilização de energia solar no mundo. Já no Brasil, a capacidade instalada de geração de energia solar aumentou quase 85% entre os anos de 2017 e 2020 (TONHOLI, 2021, BEZERRA, 2021). Um dos desafios da utilização de energia fotovoltaica está na presença de microrganismos em sua superfície, como bactérias, fungos, algas, entre outros. Devido as condições extremas do painel fotovoltaico, como elevada variação de temperatura, radiação UV, baixa disponibilidade de água e nutrientes e estresse oxidativo, os microrganismos ali presentes formam biofilmes, gerando um ambiente favorável para que possam crescer e se reproduzir, apesar das condições externas (MOURA *et al.*, 2021, DORADO-MORALES *et al.*, 2016). A formação de biofilmes na superfície de painéis fotovoltaicos pode causar reduções significativas no rendimento da geração de energia. Shirakawa *et al.* (2015) demonstraram perda de 11% na eficiência de painéis após 18 meses de exposição, enquanto Noack-Schönmann *et al.* (2014) afirmaram que a presença de biofilmes pode bloquear até 70% da transmissão de luz solar, dispersando a radiação incidente, reafirmando que a espessa camada de organismos vivos interfere na passagem de luz para as células fotovoltaicas.

As superfícies de painéis fotovoltaicos são locais onde encontram-se microrganismos promissores do ponto de vista biotecnológico, devido aos mecanismos adaptativos desenvolvidos por eles para a sobrevivência. Desta forma, a identificação taxonômica, bem como a caracterização dos genes e vias metabólicas (análise funcional) utilizados por esses microrganismos apresentam-se como áreas de grande interesse, tanto para a pesquisa básica como aplicada (TANNER *et al.*, 2019).

A Metagenômica é uma área de estudo que permite avaliar em ampla escala a diversidade taxonômica e funcional de comunidades complexas de microrganismos presentes em amostras ambientais. A utilização de técnicas de sequenciamento de nova geração permite a identificação de microrganismos que não podem ser cultivados em laboratório, e a análise funcional dos genes permite entender como esses microrganismos interagem e sobrevivem às condições extremas (SEDJOAH, 2021, PORCAR *et al.*, 2018).

Considerando que a presença de biofilme na superfície de painéis fotovoltaicos afeta negativamente a capacidade de geração de energia e que os microrganismos que compõe o biofilme apresentam potencial biotecnológico, espera-se que esse estudo possa contribuir com o conhecimento nas áreas de energia limpa e microbiologia. Também é possível ressaltar a inovação do tema, já que a literatura sobre biofilme em painéis fotovoltáicos é bastante escassa, especialmente no que se refere ao uso de Metagenômica *shotgun*, considerada a melhor tecnologia para análise de dados funcionais.

2. OBJETIVOS

O principal objetivo do presente trabalho foi caracterizar a comunidade microbiana e os genes envolvidos no processo de formação de biofilme na superfície de um painel fotovoltaico localizado em Belo Horizonte (MG) utilizando sequenciamento Metagenômico *Shotgun*.

Objetivos Específicos:

i. Realizar a coleta das amostras e a extração de DNA;
ii. Realizar o sequenciamento das amostras de DNA utilizando a plataforma *Illumina* 2500;
iii. Utilizar diferentes ferramentas de bioinformática para o tratamento das sequencias, montagem das *reads*, e identificação dos microrganismos e genes;
iv. Comparar diferentes bancos de dados para as informações taxonômicas e funcionais das comunidades presente nas amostras;
v. Analisar os dados e compará-los com as referências literárias existentes;
vi. Caracterizar as amostras com o auxilio da espectroscopia Raman, visando identificar as fases minerais presentes no *soiling* do painel fotovoltaico.

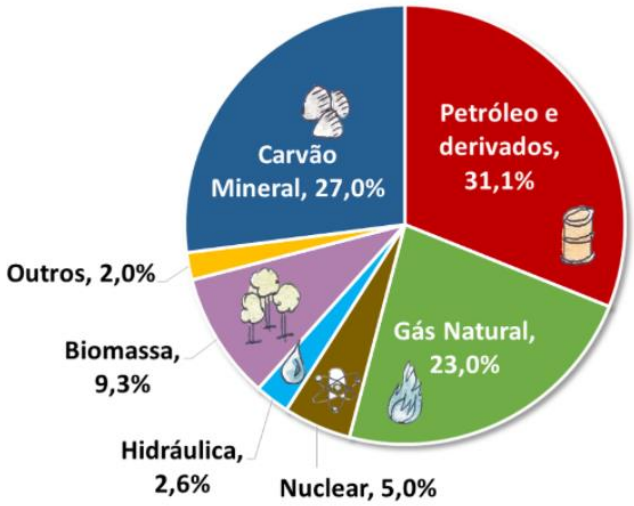
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Energia renovável e painéis fotovoltaicos

Nas últimas décadas ocorreram modificações significativas no meio ambiente devido ao consumismo, utilização desenfreada dos recursos naturais e serviços ecossistêmicos, geração de resíduos, contaminação do ar, das águas e do solo entre outros. Um dos principais problemas ambientais da atualidade é o aquecimento global, causado pela emissão de gases de efeito estufa que geram um aumento de temperatura na terra. De acordo com Carvalho *et al.* (2010), na década passada a concentração de CO_2 na atmosfera aumentou 110 ppmv (partes por milhão em volume) e, atualmente, a taxa estimada de aumento é de 2,2 ppmv ano^{-1}. Um dos principais responsáveis pela emissão desses gases é a queima de combustíveis fósseis nas usinas termelétricas, sendo de extrema importância a substituição dessa prática por fontes de energia renováveis para redução dos impactos ambientais (ARTAXO, 2014, PORTO, SUSKI, 2021).

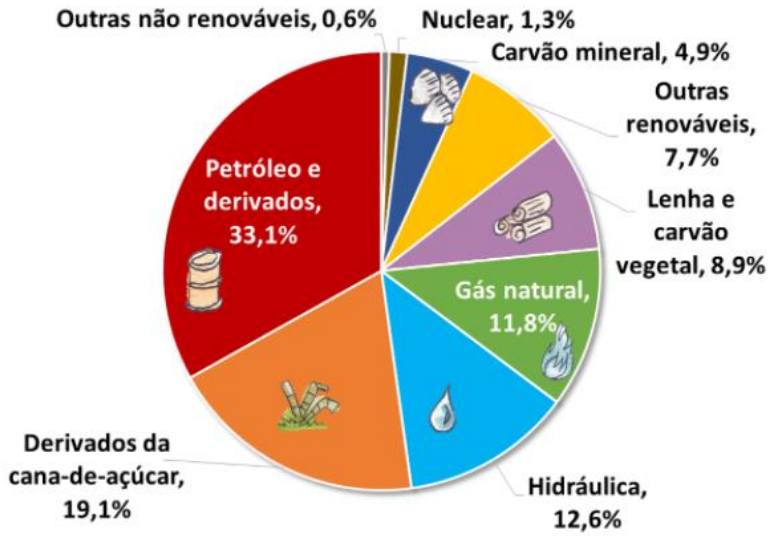
De acordo com a Empresa de Pesquisa Energética (EPE), a matriz energética global é composta, principalmente, por fontes de energias não renováveis, como petróleo, gás natural e carvão mineral (Figura 1). Apenas 14% da matriz energética é considerada renovável, sendo 12% atribuídos a energia hidráulica e biomassa e apenas 2% a energia solar, eólica e geotérmica. Considerando-se a matriz energética brasileira, as fontes de energia renovável são mais utilizadas quando comparadas a matriz global, porém, ainda prevalece a utilização de energias não renováveis As fontes de energias renováveis se aproximam de 48%, representando quase metade da matriz energética (Figura 2).

Figura 1 – Representação da matriz energética global



Fonte: (EPE, 2021)

Figura 2 – Representação da matriz energética do Brasil

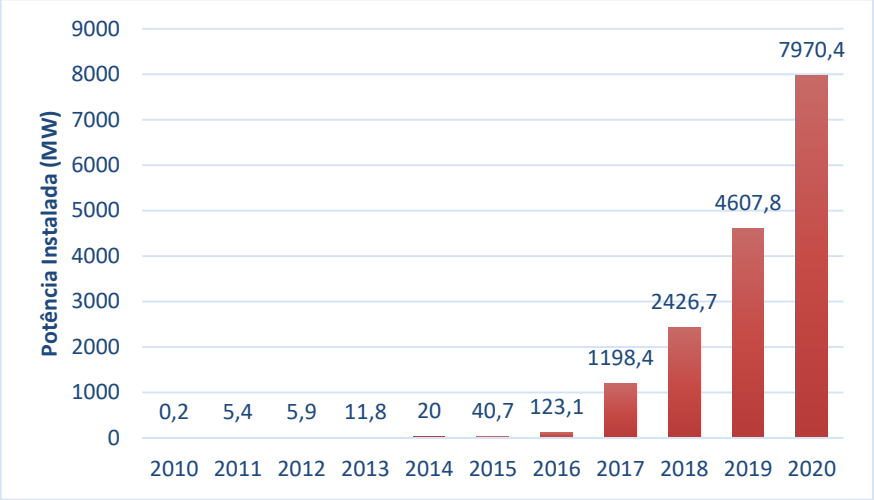


Fonte: (EPE, 2021)

A energia solar é uma das fontes renováveis mais promissoras atualmente, além de ser praticamente inesgotável, possui o maior potencial técnico de aproveitamento. Outro fator importante está relacionado com sua disponibilidade, que é superior a necessidade global de energia elétrica. A evolução da capacidade instalada de energia solar no Brasil (Figura 3)

demonstra a importância do desenvolvimento de pesquisas e melhorias nesse setor (BEZERRA, 2021, TOLMASQUIM, 2016).

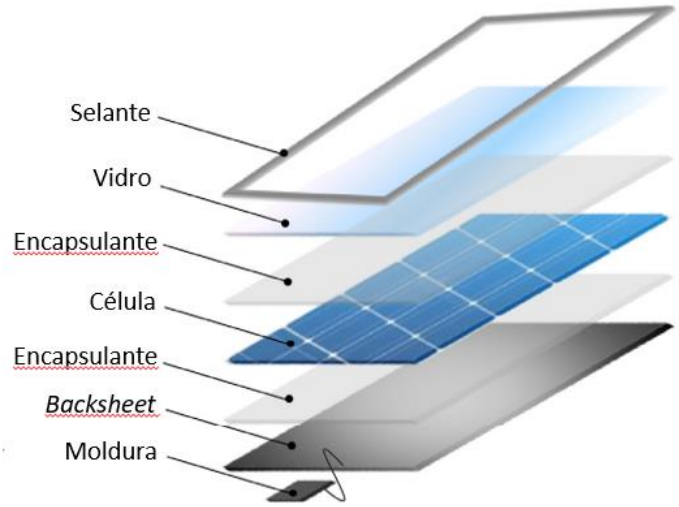
Figura 3 – Evolução da capacidade instalada de geração de energia solar no Brasil



Fonte: Adaptado de Bezerra (2021)

A energia fotovoltaica é baseada em um processo físico, chamado efeito fotovoltaico, que ocorre pela diferença de potencial nos extremos de um material semicondutor. A absorção da luz solar promove a excitação dos elétrons e a formação de corrente elétrica, gerando energia (PORTO, SUSKI, 2021, TOLMASQUIM, 2016). Os painéis fotovoltaicos são formados por um conjunto de células fotovoltaicas revestidas e agrupadas para a formação dos módulos. A estrutura dos painéis é composta por sete camadas. A primeira delas é chamada de selante, com o objetivo de unir as camadas através do seu material adesivo, seguido pelo vidro, que protege contra condições climáticas externas e permite a entrada de luz. As células fotovoltaicas ficam situadas entre duas camadas de um material encapsulante, geralmente Etil Vinil Acetato (EVA), que as protege e otimiza a condução elétrica. Por fim, tem-se o *Backsheet*, que além de proteger todos os outros materiais, oferece isolamento térmico. A moldura é a parte externa, geralmente de alumínio, responsável pela fixação do módulo (Figura 4) (PADOAN, ALTIMARI, PAGNANELLI, 2019, TOLMASQUIM, 2016).

Figura 4 – Representação da estrutura de um painel fotovoltaico



Fonte: Adaptado de Padoan, Altimari e Pahnanelli (2019)

Uma grande desvantagem da energia solar é o alto custo relacionado ao baixo rendimento quando comparado a outras formas de obtenção de energia, principalmente as não renováveis. Por esse motivo, a energia solar ainda não foi implementada em larga escala. Outra desvantagem é a necessidade da luz solar, ou seja, a energia não é produzida durante a noite, e em dias nublados e chuvosos, a eficiência dos painéis é reduzida (MACHADO, MIRANDA, 2015). Uma limitação dos painéis fotovoltaicos que foi descrita recentemente na literatura é a presença de biofilme microbiano em sua superfície, que é capaz de reduzir sua eficiência através do bloqueio da luz solar (NOACK-SCHÖNMANN *et al.*, 2014, SHIRAKAWA *et al.*, 2015).

3.2 Biofilme

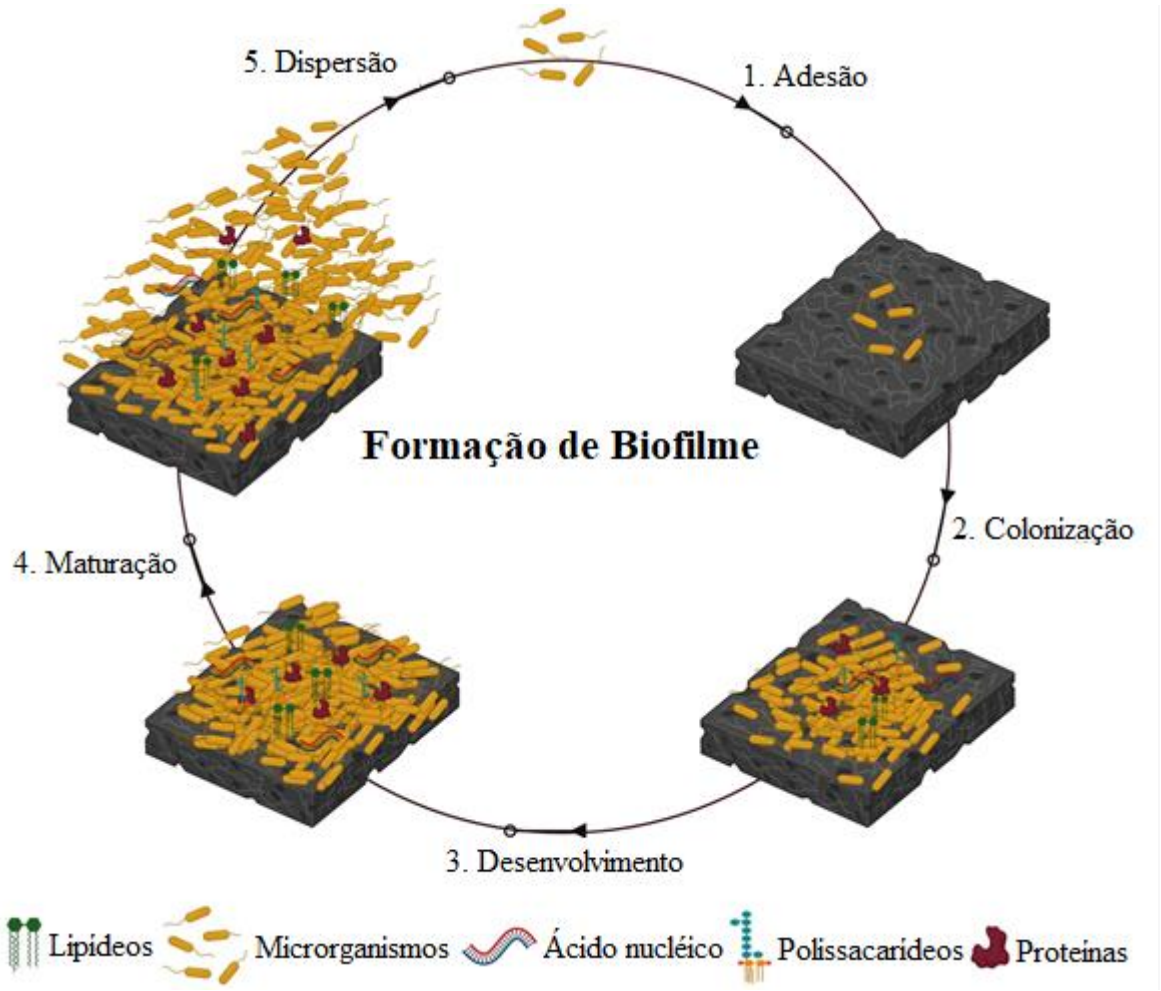
Biofilme pode ser definido como uma comunidade complexa de microrganismos que vivem dentro de uma matriz autoproduzida, composta de substâncias poliméricas extracelulares (EPS), que são constituídas por açúcares, proteínas, lipídeos, ácidos nucleicos (RNA e DNA) e água (BLANCO *et al*., 2019, CIOFU *et al.*, 2022).

Os biofilmes podem ser encontrados em diversos ambientes, incluindo superfícies de equipamentos médicos (STOICA *et al.*, 2017), sistemas de água e esgoto (LI *et al.*, 2019), indústrias alimentícias (CORRASCOSA *et al.*, 2021), dentes e gengivas (WALSH *et al.*, 2020), superfícies de barcos e navios (SALTA *et al.*, 2013) e principalmente em ambientes naturais (MOURA *et al.*, 2021, DORADO-MORALES *et al.*, 2016). É a forma de vida predominante

no planeta quando comparado ao estado planctônico da célula (células separadas), devido a maior proteção contra condições adversas (FLEMMING, WINGENDER, 2010, SRINIVASAN *et al.*, 2021). Estima-se que mais de 80% das bactérias e archaeas residam em biofilmes (PARRILI, TUTINO, MARINO, 2022).

A formação do biofilme é um processo complexo, em forma de ciclo, que pode ser resumido em cinco etapas (Figura 5), a saber: i) Adesão ou fixação: os microrganismos se ligam reversivelmente à superfície através de interações fracas; ii) Colonização: os microrganismos são ligados à superfície de forma irreversível com interações mais fortes e com o auxílio de proteínas adesivas e polissacarídeos, formando uma camada inicial de células; iii) Desenvolvimento ou proliferação: os microrganismos se reproduzem, acumulando células e formando multicamadas; além disso, produzem e secretam EPS; iv) Maturação: à medida que o biofilme cresce, as células se organizam formando uma comunidade tridimensional estável com canais que permitem a circulação de nutrientes, moléculas sinalizadoras e remoção de resíduos metabólicos; v) Dispersão: as células se separam do biofilme se tornando livres para se mover e colonizar novas áreas, devido à estímulos externos ou internos, como falta de nutriente, presença de predadores ou chegada de um novo sinal químico (SRINIVASAN *et al.*, 2021, YIN *et al.*, 2019).

Figura 5 – Representação esquemática das etapas envolvidas na formação de biofilme

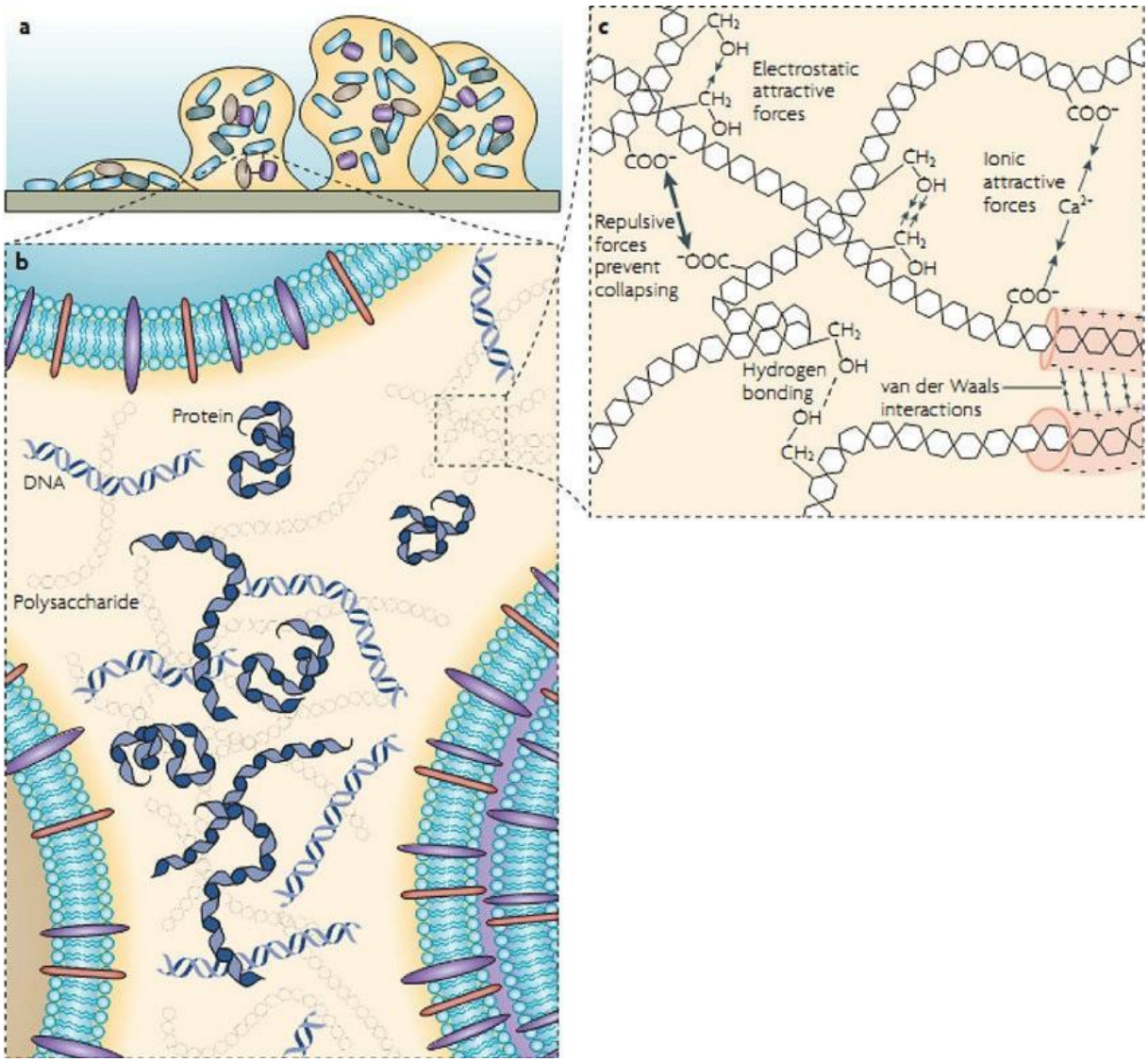


Fonte: Adaptado de Srinivasan *et al.* (2021)

Os biofilmes de diversos ambientes possuem características diferentes, que são ditadas pelas condições ambientais, comunidade taxonômica, disponibilidade de nutrientes, propriedades das superfícies, entre outros, sendo sinalizado e regulado de maneiras distintas (TOLKER-NIELSEN, 2015). Apesar disso, a estrutura básica do biofilme normalmente se mantém, independente do ambiente e da comunidade microbiana. A matriz extracelular tem uma camada espessa e hidratada (Figura 6a) e os seus componentes principais se distribuem de forma não homogênea (Figura 6b), o que provoca diferenças de conteúdo entre as regiões da matriz. Os constituintes do EPS têm a capacidade de interagir entre si através de forças repulsivas, interações de hidrogênio e de Van Der Waals e atração iônica (Figura 6c), auxiliando na estabilização, coesão e estrutura tridimensional do biofilme (FLEMMING, WINGENDER, 2010, PARRILI, TUTINO, MARINO, 2022). Vale ressaltar que as interações existentes entre o biofilme e a camada de substância poliméricas tornam os microrganismos participantes

diferentes em fisiologia e ação, quando comparado às suas características no modo de crescimento planctônico (SENEVIRATNE *et al.*, 2008).

Figura 6 – Representação da estrutura do biofilme



Fonte: Adaptado de Flemming e Wingender (2010)

Os EPS têm diversas funções na matriz, como adesão, agregação de células, coesão do biofilme, retenção de água, barreira protetiva, sorção de compostos orgânicos e íons inorgânicos, atividade enzimática, fonte de nutrientes, doador e receptor de elétrons, permitindo que reações redox ocorram, e troca de informações genéticas (FLEMMING, WINGENDER, 2010).

O biofilme é formado como mecanismo de defesa em resposta a condições adversas. Ao se agruparem, as células podem se proteger contra mudanças bruscas de temperatura, pressão,

radiação ultravioleta, desidratação e presença de substâncias tóxicas. A matriz extracelular que envolve as células do biofilme atua como uma barreira física e química que protege as células das agressões do ambiente (YIN *et al.*, 2019).

Existem diversos estudos que comprovam que a formação do biofilme se dá a partir de estímulos externos como mecanismo de proteção às condições adversas. Kik Raikhan (2019) estudou a formação de biofilme pela espécie *Streptosporangium roseum* constatando que o aumento da temperatura induz a formação do biofilme e que sua espessura é diretamente proporcional à variação de temperatura. Frösler *et al.*, (2017) demonstraram que o biofilme formado por *Deinococcus geothermalis* é mais tolerante à radiação UV quando comparado à sua forma de vida planctônica, afirmando que essa proteção é proveniente da retenção de espécies reativas de oxigênio (ROS). Já Zhao e colaboradores (2016) demonstraram que a produção de proteína e o teor de EPS aumentam com o aumento da salinidade. Portanto, a presença do biofilme permite a sobrevivência dos microrganismos em ambientes hostis através de diversos mecanismos, seja pela maior produção de EPS, modificação de sua composição, retendo compostos ou simplesmente pela presença de uma barreira física.

Além disso, o biofilme aumenta a cooperação metabólica dentro de uma comunidade heterogênia (SATARI, IGLESIAS, PORCAR, 2023). Isso acontece porque as células bacterianas dentro do biofilme são capazes de se comunicar através de sinais químicos, conhecidos como *quorum sensing* (QS), que permitem a detecção da densidade celular, a coordenação de suas atividades e a resposta conjunta a estímulos externos. Isso pode levar a um aumento da eficiência na obtenção de nutrientes e na colonização de novas superfícies consideradas inóspitas (CIOFU *et al.*, 2022, GAMBINO, CAPPITELLI, 2016).

No início da formação do biofilme, as células sofrem mudanças fenotípicas para a expressão de uma grande quantidade de genes envolvidos em sua regulação e sinalização. Além do QS, que é o principal mecanismo de sinalização para coordenar a formação de biofilme, existem outros processos que também desempenham um papel importante em sua regulação. Estes geralmente envolvem a ativação de vias de sinalização intracelular que são mediadas por mensageiros secundários, como a adenosina monofosfato cíclico (cAMP), o difosfato de guanosina cíclico (c-di-GMP) e o difosfato de guanosina-3',5'-cíclico (cGMP) (SHARMA, PETCHIAPPAN, CHATTERJI, 2014, TOLKER-NIELSEN, 2015, YIN *et al.*, 2019). O cAMP é um mensageiro secundário que regula a formação do biofilme e atua ativando a proteína receptora CRP (proteína reguladora do catabolismo). A ativação de CRP resulta na expressão de genes

envolvidos na produção de fatores de adesão e na regulação da matriz extracelular (LIU *et al.*, 2020). O c-di-GMP é um mensageiro secundário que regula a transição da fase planctônica para a fase de biofilme. O c-di-GMP é sintetizado pela enzima diguanilato ciclase e é degradado por uma enzima denominada fosfodiesterase. A concentração de c-di-GMP no interior da célula pode ser controlada pela atividade dessas enzimas, que regulam a transição da fase planctônica para a fase de biofilme (WEI, MA, 2013). Portanto, os mensageiros secundários desempenham papel fundamental na regulação da formação do biofilme, através da ativação de vias de sinalização intracelular que regulam a expressão de genes envolvidos na adesão das células bacterianas à superfície, na produção de matriz extracelular e na transição da fase planctônica para a fase de biofilme (SHARMA, PETCHIAPPAN, CHATTERJI, 2014, LIU *et al.*, 2022).

As bactérias são os organismos mais estudados em relação ao biofilme, consideradas modelo para o entendimento das etapas de formação, manutenção e dispersão. As principais bactérias estudadas são *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Streptococcus mutans* e *Pseudomonas aeruginosa* (HOTTERBEEKX *et al.*, 2017, LIN *et al.*, 2021, SHARMA *et al.*, 2016). Apesar da maioria dos estudos terem foco em bactérias, fungos e archaeas também são produtores de EPS, e fazem parte da composição de biofilmes. Fungos como *Candida albicans* e *Aspergillus fumigatus*, e archaeas como *Methanosarcina mazei* e *Sulfolobus solfataricus* são relatados na literatura pela produção de grandes quantidades de EPS e pela participação na formação de biofilmes (BANG *et al.*, 2014, FLEMMING, WINGENDER, 2010, KAUR, SINGH, 2014). Além dos microrganismos citados, existem diversos outros organismos vivos que compõem os biofilmes espalhados pelo mundo. Diversos trabalhos têm como objetivo a caracterização da comunidade microbiana desses ambientes, tentando entender sua formação, composição, características e formas de controle.

Embora os biofilmes ofereçam proteção para as células bacterianas, a presença de biofilmes apresenta consequências negativas para a saúde humana, a indústria e o meio ambiente (CORRASCOSA *et al.*, 2021, MOURA *et al.*, 2021, STOICA *et al.*, 2017). Por isso, é importante entender como os biofilmes são formados e como podem ser controlados ou removidos quando necessário. Em painéis fotovoltaicos, a presença de poeiras e sujidades são descritas como uma barreira física que impede a passagem de luz solar e reduz a eficiência do sistema energético (APPELS *et al.*, 2013, ILSE *et al.*, 2018, JAVED, GUO, FIGGIS, 2017, MEJIA, KLEISSL, 2013). Cordero *et al*. (2018), por exemplo, registraram redução de 39% na eficiência do painel localizado no deserto do Atacama devido a presença de partículas de areia. Diversos trabalhos utilizam o termo *“soiling”* para se referir a essas sujidades. Porém, muitos

deles não incluem a presença de microrganismos em sua definição. O *soiling* é descrito de diversas formas, mas normalmente engloba o crescimento microbiano e a deposição de partículas, sejam elas sujidades, poeiras, material orgânico ou polén (SHIRAKAWA *et al.*, 2015). De qualquer modo, a presença de biofilme associado as partículas depositadas na superfície do painel é inquestionável atualmente, e, portanto, ambos devem ser estudados em conjunto para a melhor compreensão do impacto destes componentes no rendimento da energia solar.

3.3 Metagenômica

Metagenômica é uma tecnologia para análise de DNA genômico de amostras ambientais sem a necessidade de isolamento e cultivo dos microrganismos, constituindo, portanto, uma alternativa às limitações dos métodos dependentes de cultivo (SEDJOAH, 2021). Estima-se que menos de 1% da comunidade microbiana presente em ambientes naturais pode ser cultivada em laboratório, pois as condições do ambiente não podem ser totalmente reproduzidas em experimentos. Essa limitação pode ser explicada por diversos motivos, como falta de nutrientes apropriados, temperatura, pressão e pH inadequados, presença de compostos inibitórios, acúmulo de resíduos tóxicos, dispersão de colônias, entre outros. Entretanto, os microrganismos não cultiváveis são fonte de muitos compostos com atividades químicas, biológicas e funcionais de grande interesse. Assim, as técnicas independentes de cultivo vêm sendo cada vez mais utilizadas e aprimoradas, possibilitando uma visão mais acurada das comunidades microbianas, o que inclui a identificação e análise das funções dos microrganismos em seus habitats (HANDELSMAN, 2004, NAZIR, 2016).

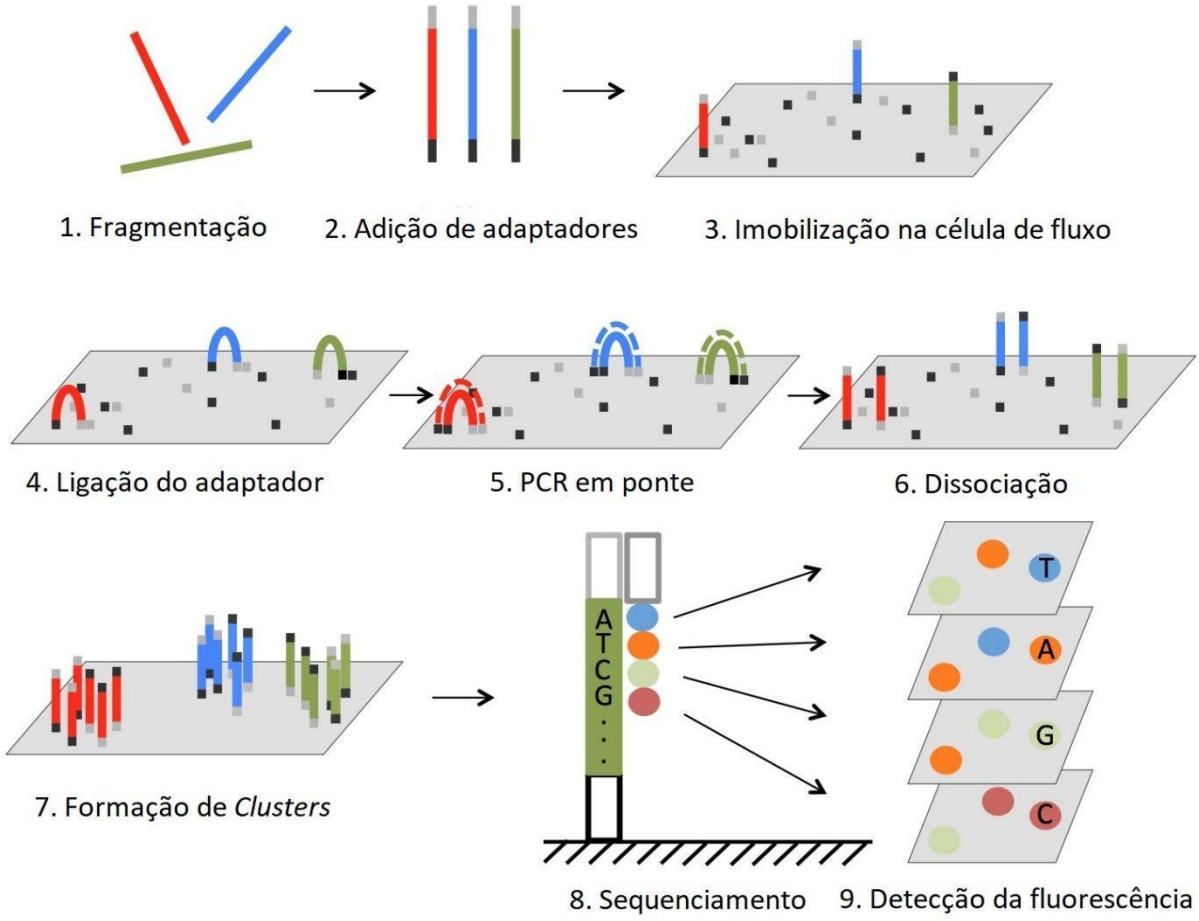
Nas últimas décadas, a utilização da metagenômica possibilitou a descoberta de novos organismos, novos compostos terapêuticos, antimicrobianos e, principalmente, novas enzimas, além de facilitar o estudo e caracterização de diversos ambientes, apresentando aplicações em diversas áreas como saúde, bioeconomia, recursos naturais e industrial (DATTA, *et al.*, 2020). De acordo com Nazir (2016), muitas enzimas de importância industrial, como celulases, lipases e proteases, foram produzidas a partir de estudos de metagenômica. Essas enzimas são utilizadas em panificação, indústrias de produção de rações e farmacêutica, processamento de sucos naturais, produção de detergente e produtos lácteos, entre outros.

Um marco da metagenômica foi o surgimento do sequenciamento de nova geração (NGS), que permite sequenciar várias moléculas de DNA de diferentes origens de maneira simultânea. As plataformas de NGS mais comuns são *454-pirosequenciamento, Iron Torrent* e *Illumina*. As

principais vantagens relacionadas ao uso dessas tecnologias, quando comparado à utilização dos métodos clássicos, são a redução do tempo, maior profundidade do sequenciamento e menor custo operacional (SEDJOAH, 2021).

A *Illumina* é a plataforma mais utilizada e mais popular para análises genômicas e metagenômicas, sendo uma tecnologia consolidada, devido ao baixo custo, alta taxa de leitura e densidade de sequenciamento, além da precisão na inserção de bases (ARI, ARIKAN, 2016, PERVEZ *et al.*, 2022). O sequenciamento na plataforma Illumina se inicia a partir do preparo da biblioteca (Figura 7). Inicialmente, o DNA genômico é fragmentado através de métodos químicos, físicos ou enzimáticos gerando diversos pedaços ou fragmentos (etapas 1 e 2). Em seguida, são adicionados adaptadores às duas extremidades de cada fragmento. Os fragmentos são imobilizados a partir da ligação do adaptador à célula de fluxo (etapa 3). Essa superfície possui pequenas sequências de DNA complementares aos adaptadores, o que permite a fixação. Em seguida, na etapa 4, o adaptador superior se liga ao adaptador complementar ao lado, formando uma "ponte" (LU *et al.*, 2016, OULAS *et al.*, 2015). As etapas 5, 6 e 7 tem como objetivo a amplificação do fragmento, gerando regiões chamadas *clusters*. Essas regiões são responsáveis pela intensificação do sinal durante o sequenciamento, possibilitando a detecção pelo equipamento. Nesse processo, é necessária a adição de bases nitrogenadas para a ocorrência da reação de PCR em ponte, responsável pela formação da fita complementar, seguida de sua dissociação. O resultado dessa etapa são dois fragmentos complementares, um direto e um reverso. Esse processo ocorre diversas vezes até a formação de regiões com diversas cópias de um mesmo fragmento (Figura 7) (LU *et al.*, 2016, SLATKO, GARDNER, AUSUBEL, 2018). O sequenciamento propriamente dito ocorre nas etapas 8 e 9 através de um processo chamado sequenciamento por síntese (*sequencing by synthesis* – SBS), em que são utilizadas bases nitrogenadas modificadas capazes de emitir fluorescência. Assim, cada base modificada adicionada gera uma fluorescência específica que é detectada pelo equipamento de forma sequencial, tornando possível o sequenciamento de todos os fragmentos. Ao fim do processo, os dados são analisados em relação à qualidade de sequenciamento (ILLUMINA, 2022, OULAS *et al.*, 2015, SLATKO, GARDNER, AUSUBEL, 2018).

Figura 7 – Representação das etapas do sequenciamento utilizando a plataforma Illumina



Fonte: adaptado de LU *et al.*, 2016

A metagenômica pode utilizar duas abordagens diferentes, *shotgun* e *amplicon*. Na verdade, o termo metagenômica se refere apenas a abordagem *shotgun* e, para *amplicon*, utiliza-se o termo metataxonômica. Na metagenômica, a maioria dos genomas e genes presentes nas amostras são sequenciados, podendo-se obter informações acerca da estrutura taxonômica e da composição funcional das comunidades microbianas. Já na metataxonômica, também chamada de metagenômica de amplicon, utilizam-se genes marcadores, regiões altamente conservadas que permitem a identificação taxonômica para estudo de determinada população, exigindo, primeiramente, a sua amplificação através da técnica de PCR (BOFF, 2018, HOZZEIN, 2020, MARCHESI, RAVEL, 2015).

As duas abordagens possuem vantagens e limitações (Quadro 1), consequentemente, a escolha do método deve depender de cada projeto. Na abordagem de *shotgun* toda a amostra de DNA é analisada ao invés de concentrar em apenas um gene específico. Essa abordagem possibilita obter informações acerca do perfil funcional das comunidades microbianas, ou seja,

informações sobre o metabolismo e a interação dos microrganismos para sustentação do equilíbrio do nicho ecológico. Porém, é considerada uma análise mais dispendiosa e que gera um número muito grande de dados, dificultando as análises posteriores. Já a metataxonômica, por sequenciar apenas um gene marcador, gera quantidade de dados muito inferior quando comparado à metagenômica, sendo considerada uma análise relativamente rápida e econômica, usada para identificação taxonômica de diversas bactérias e eucariotos. Porém, além de não gerar informações acerca do perfil funcional, pode apresentar vieses provenientes da etapa de amplificação (BREITWIESER, LU, SALZBERG, 2017, DADKI, YANGBENRO, BABALOLA, 2021, OULAS *et al.*, 2015).

Quadro 1 – Vantagens e limitações associadas às abordagens de metagenômica e metataxonômica

Abordagem	Vantagens	Limitações
Metagenômica (*shotgun*)	● Não possui o viés da amplificação ● Detecta bactérias, archaeas, vírus e eucariotos ● Permite montagem de genomas	● Análise mais dispendiosa ● Gera um alto número de dados para análise ● Muitas leituras podem ser provenientes de hospedeiros
Metataxonômica (*amplicon*)	● Análise rápida e econômica ● Detecta ampla variedade de bactérias e eucariotos ● Avaliação de maior número de amostras (aumento do poder estatístico)	● Não gera informações funcionais ● Não identifica novos organismos ● Resolução limitada ● Tem viés da amplificação ● Não detecta virus

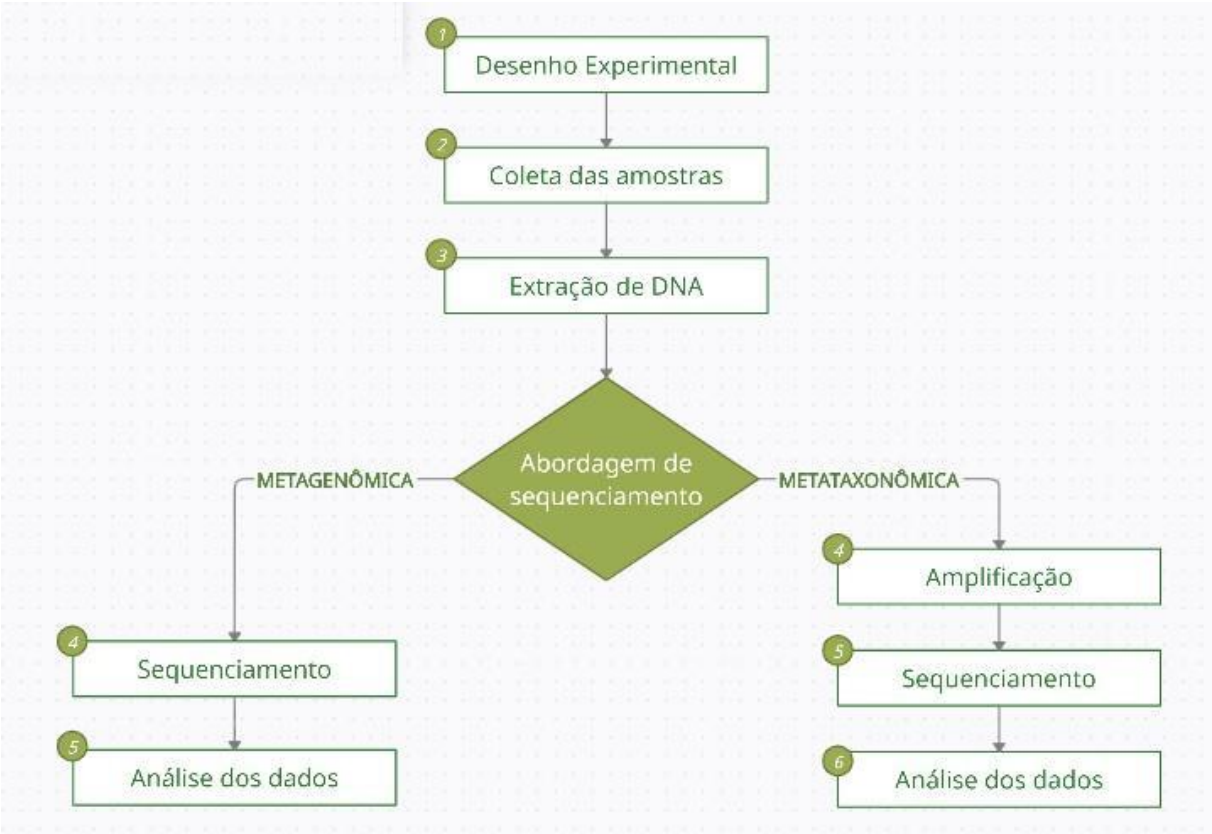
Fonte: Adaptado de Breitwieser, Lu e Salzberg (2017)

Como dito anteriormente, a metataxonômica utiliza genes marcadores de regiões altamente conservadas, sendo o mais comum os genes ribossomais (rRNA) *16S* para bactérias, *18S* para eucariotos em geral, e *ITS* para fungos. Por serem regiões conservadas, os dados de metataxonômica podem ser utilizados para análises filogenéticas. Além disso, por ser uma análise rápida e econômica, pode-se sequenciar um grande número de amostras, aumentando o poder estatístico das análises de dados (Quadro 1) (BREITWIESER, LU, SALZBERG, 2017). Portanto, a escolha da abordagem depende de vários fatores, e é específica para cada desenho experimental.

O processo da análise metagenômica e metataxonômica pode ser resumido em algumas etapas (Figura 8). O desenho experimental (etapa 1) é a montagem de uma estratégia de análise, considerando o objetivo do projeto. Nesse momento todo o processo é planejado, escolhendo a abordagem a ser utilizada, planejando como será a amostragem e quantas amostras deverão ser coletadas, qual plataforma de sequenciamento será utilizada, como os dados serão analisados,

entre outros. Enfim, o desenho experimental é o planejamento da análise para que o objetivo do projeto seja atingido. As etapas 2 e 3 são destinadas à coleta das amostras e extração de DNA, respectivamente. Caso a abordagem de sequenciamento seja a metagenômica, as próximas etapas são dedicadas ao sequenciamento e análise de dados. Já, se a abordagem for metataxonômica, uma etapa de amplificação é adicionada, como mencionado anteriormente.

Figura 8 – Fluxograma das etapas para análise utilizando as abordagens de metagenômica e metataxonômica



Fonte: Próprio autor

3.4 Metagenômica de painéis fotovoltaicos

Os ambientes de maior interesse para estudo de metagenômica são aqueles que possuem ampla variedade de comunidades microbianas, ambientes com características extremas e condições únicas, como elevada concentração de metais, meio extremamente alcalinos ou ácidos, temperaturas extremas, elevada radiação e salinidade. Esses ambientes tem a capacidade de moldar a comunidade microbiana presente de acordo com a pressão seletiva das condições externas. Assim, apenas microrganismos com mecanismos de defesa apropriados àquele ambiente são capazes de sobreviver e prosperar, por isso, a maioria deles são de grande interesse

do ponto de vista biotecnológico (HOZZEIN, 2020, SATARI, IGLESIAS, PORCAR, 2023, TANNER *et al*., 2020).

A bactéria *Thermus aquaticus*, por exemplo, é encontrada em fontes termais e outros ambientes com elevadas temperaturas, sendo conhecida pela produção de uma enzima termorresistente (Taq polimerase). Essa enzima tornou possível o processo de amplificação por PCR, revolucionando a biotecnologia (BROCK, 1997). A archaea hipertermofílica *Pyrococcus furiosus* é encontrada em fontes hidrotermais no fundo do mar, podendo ser outro exemplo de microrganismo extremófilo com aplicação biotecnológica. Ela produz a enzima celulase, que pode ser utilizada na conversão de celulose em açúcares fermentáveis para a produção de biocombustíveis (KATAOKA, ISHIKAWA, 2014). *Deinococcus radiodurans* é uma bactéria extremófila capaz de sobreviver a elevadas concentrações de radiação ionizante, sendo útil na descontaminação de águas e solos contaminados (MANOBALA *et al.*, 2019). Esses são apenas alguns exemplos dos milhares de microrganismos identificados em ambientes adversos, e cujos mecanismos de defesa os tornaram essenciais na biotecnologia.

Os painéis fotovoltaicos são ambientes extremos, visto que estão expostos a elevada radiação UV e grandes variações de temperatura durante todo o ano, além de ser um ambiente sem disponibilidade de água e nutrientes. De acordo com Satari, Iglesias e Porcar (2023) a superfície do painel fotovoltaico constitui uma fonte rica de biomoléculas com potencial biotecnológico, apresentando diversas espécies de microrganismos que produzem adenosinas para auxiliar na fixação da superfície de vidro, carotenoides e outros antioxidantes para ajudar na resistência a radiação e dessecação e, principalmente, microrganismos capazes de produzir biofilmes, criando uma barreira protetora contra as condições adversas e possibilitando um ambiente favorável e habitável (MOURA *et al.*, 2021, SHIRAKAWA *et al.*, 2015).

A formação de biofilmes na superfície de painéis fotovoltaicos pode causar reduções significativas no rendimento da geração de energia, visto que a espessa camada de microrganismos interfere na passagem de luz para as células fotovoltaicas, podendo impedir totalmente a absorção dos raios solares (MOURA *et al*., 2021, SHIRAKAWA *et al.*, 2015). De acordo com Noack-Schönmann *et al.* (2014), o prejuízo causado pela presença do biofilme em painéis fotovoltaicos geralmente aumenta quanto maior o tempo de exposição ao ambiente. Desta forma, painéis com grandes tempos de exposição são importantes objetos de estudo para a compreensão dos mecanismos de formação de biofilmes e prospecção de genes de interesse

utilizando metagenômica. Vale ressaltar que, de acordo com Planes *et al.* (2014), os painéis fotovoltaicos são produzidos para durar pelo menos 30 anos.

Dorado-Morales *et al*., (2016) estudaram a comunidade microbiana de painéis localizados em Valencia, Espanha, utilizando múltiplas abordagens, empregando técnica de cultivo, metagenômica, metataxonômica e proteômica. Porcar *et al*. (2018) estudaram painéis localizados em Berkley, Califórnia, através de cultivo, metagenômica e metabolômica, enquanto Tanner *et al*. (2018) estudaram painéis localizados na Antártica e no Ártico utilizando metagenômica. Os estudos de Moura *et al.* (2021) e Tanner *et al.* (2020) foram feitos com metagenômica, porém em localizações diferentes. O primeiro foi feito em São Paulo, e o segundo em Valéncia. Vale ressaltar que Tanner *et al.* (2020) estudaram os painéis fotovoltaicos por 2 anos, de forma contínua.

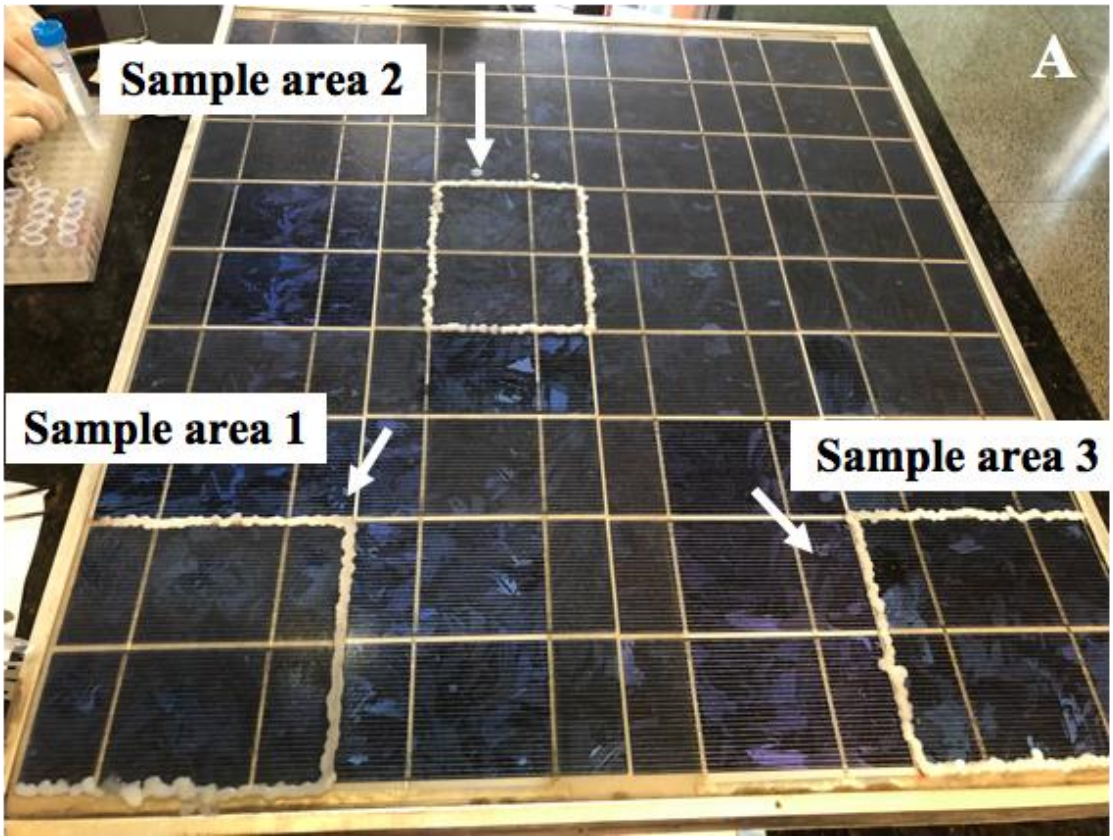
Existem poucos estudos de comunidades microbianas em superfícies de painéis fotovoltaicos na literatura científica, especialmente utilizando metagenômica ou metataxonômica. Além disso, os resultados descritos apresentam diferenças, sendo importante ampliar os estudos nessa área para maior compreensão e confiabilidade. Considerando que a presença do biofilme em painéis fotovoltaicos leva a redução da eficiência na geração de energia, e por ser esse um ambiente extremo, com diversos microrganismos com potencial biotecnológico, o principal objetivo desse estudo é identificar, caracterizar e estudar táxons e genes da microbiota que compõe amostras de biofilme coletadas em um painel fotovoltaico localizado em Belo Horizonte, MG.

4. METODOLOGIA

4.1 Coleta das amostras

A coleta das amostras de biofilme foi realizada no dia 27/11/2019, sendo escolhido e desinstalado um painel de tamanho 751 mm X 652 mm (KC60 Kyocera). Os painéis se encontram instalados no campus II do Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais (CEFET-MG) em Belo Horizonte (MG) (-19.939186749999998, -43.99925870941851). Vale ressaltar que esse painel está instalado no CEFET a mais de 10 anos. Para a coleta, com o auxílio de cera de vela, delimitou-se três setores com área de aproximadamente, 900 cm^2 cada (Figura 9), denominadas amostras 1, 2 e 3 (replicatas biológicas).

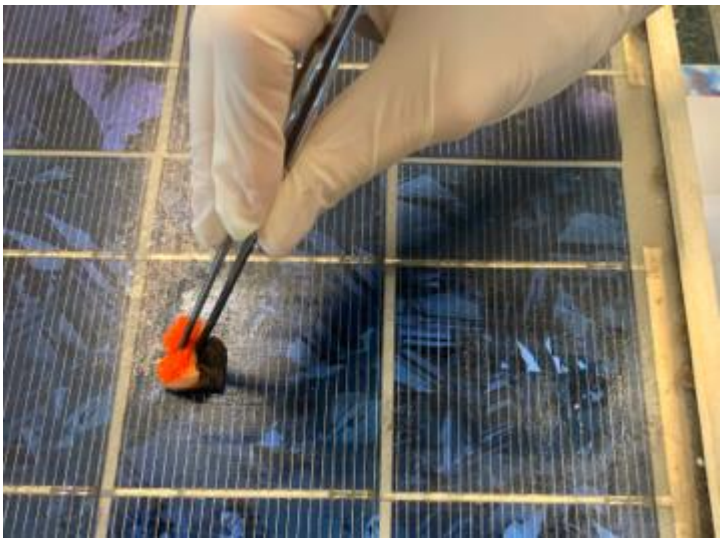
Figura 9 – Setores da coleta das amostras 1, 2 e 3 no painel fotovoltaico



Fonte: Próprio autor

A coleta foi feita em cada setor com o auxílio de uma esponja estéril embebida em água destilada estéril e uma pinça (Figura 10), passando-os repetidas vezes até a remoção de todo o *soiling*. As amostras biológicas foram denominadas D1, D2 e D3, sendo cada uma delas proveniente de um setor delimitado anteriormente.

Figura 10 – Detalhe da coleta das amostras com esponja e pinça



Fonte: Próprio autor

Vale ressaltar que, para cada amostra biológica, foram coletadas três replicatas técnicas, totalizando em nove amostras (Quadro 2).

Quadro 2 – Esquema das replicatas técnicas e biológicas das amostras coletadas

Replicatas biológicas	**D1**	**D2**	**D3**
Replicatas técnicas	D1-1	D2-1	D3-1
	D1-2	D2-2	D3-2
	D1-3	D2-3	D3-3

Fonte: Próprio autor

O material foi depositado em tubos *falcon* contendo 15 mL de água destilada estéril e, em seguida, armazenados a 4ºC até a extração do DNA.

4.2 Extração de DNA

A primeira tentativa de extração de DNA foi feita utilizando a amostra de biofilme diluída em água, entretanto, a quantidade de material foi insuficiente. Desta forma, para concentrar o DNA, as amostras foram liofilizadas. O DNA foi extraido utilizando o kitFastDNA SPIN (MP Biomedicals, CA, USA, 2020), seguindo criteriosamente as informações e recomendações do fabricante. Em seguida, analisou-se a qualidade dos DNAs extraídos utilizando-se eletroforese em gel de agarose 1% e a quantidade através do fluorômetro Qubit (Invitrogen).

4.3 Sequenciamento de DNA

O sequenciamento de shotgun foi realizado na Georg-August University Göttingen (Göttingen, Alemanha). O preparo da biblioteca foi feito utilizando-se o kit *NEBNext Fast DNA Fragmentation and LibraryPreparation* (New England Biolabs, Ipswich, NE, EUA) seguindo criteriosamente as informações e recomendações do fabricante. A análise de qualidade da biblioteca foi realizada com o auxílio do *Agilent 2100 Bioanalyser* e o sequenciamento metagenômico *shotgun* foi realizado usando a plataforma *Illumina HiSeq 2500*.

4.4 Bioinformática e testes estatísticos

Para a análise dos metagenomas foi utilizado o *pipeline SqueezeMeta* (TAMAMES, PUENTE-SÁNCHEZ, 2019) com o método *co-assembly*. De forma geral, a qualidade dos dados brutos foi tratada com a ferramenta *Trimmomatic* utilizando os parâmetros padrão (BOLGER *et al*., 2014). Em seguida, sob o modo *co-assembly*, todos os metagenomas foram juntados em apenas um par de arquivos FASTQ (*forward* e *reverse*) para fazer uma única grande montagem com o intuito de melhorar a profundidade dos táxons pouco representados. A montagem foi feita utilizando a ferramenta *Megahit* (LI *et al*., 2015). Para a predição de genes dos *contigs* utilizou-se a ferramenta *Prodigal* (HYATT *et la*., 2010), e a partir destas *ORFs* (Open Reading Frame), foram realizadas as análises taxonômicas e funcionais. Para ambos os casos, utilizou-se o alinhador *Diamond* (BUCHFINK *et al*., 2015) contra o banco de dados *GenBank nr* para as análises taxonômicas, e contra os bancos de dados *eggNOG*, *KEGG* e *PFAM* para as análises funcionais.

O SqueezeMeta gera matrizes de resultados que podem ser lidas utilizando o pacote *SQMtools* (PUENTE-SÁNCHEZ *et al.*, 2020) na linguagem de programação R (4.2.0) através da interface RStudio. Para uma análise mais robusta, apenas táxons e funções com número de *reads* acima de 10, somando todas as sub-amostras, foram consideradas. Além do pacote SQMtools, foram utilizados também os pacotes *ggplot2*, *vegan*, *reshape2*, *car*, *ggrepel* e *dplyr* para análise dos dados, construção de gráficos e testes estatísticos. Assim, foram construídas tabelas com os táxons e funções de cada banco de dados, além de *barplots*, *heatmaps* e *boxplots*, permitindo uma apresentação mais dinâmica dos dados. Além disso, foi feita uma pesquisa nos dados funcionais utilizando o termo "*biofilm*", construindo-se gráficos e tabelas com as funções relacionadas a esse termo. Foi realizado um estudo da comunidade core e satelite utilizando um script local no RStudio e o pacote *Venn Diagram*. As análises estatísticas de diversidade alfa foram feitas através dos índices de diversidade de *Shannon-Wiener* e *Simpson*. Estes resultados foram testados estatisticamente com a finalidade de avaliar diferenças significativas entre as

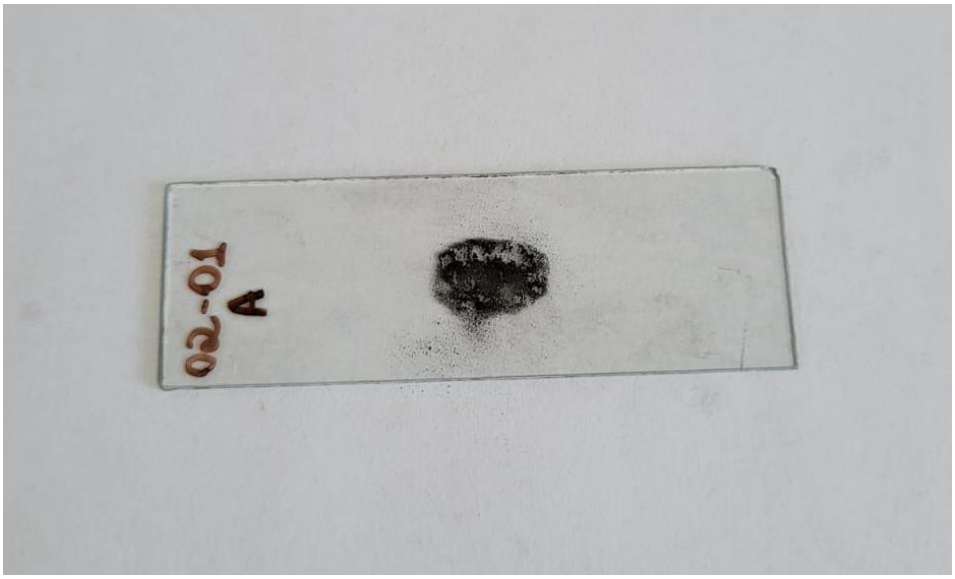
diversidades. Primeiramente realizou-se o teste de *Shapiro-Wilk* para verificar a normalidade dos dados, seguido do teste *Levene* para avaliar a homogeneidade; cumpridos estes testes, utilizou-se a estatística *ANOVA* para verificar a semelhança das médias entre as diversidades das amostras. Para comparação par-a-par, utilizou-se o teste *Post Hoc*. Para análise da diversidade beta (β) foi utilizado estatística multivariada através da análise de coordenada principal (PCoA). E, por fim, para dar suporte a análise composicional de PCoA foi realizada uma análise de dissimilaridade (*ANOSIM*). Vale ressaltar que para todas as análises multivariadas realizadas foi utilizada a distância de *Bray-Curtis* como medida de dissimilaridade.

Após análise dos dados de eucariotos provenientes do *SqueezeMeta*, percebeu-se a necessidade de realizar uma pesquisa mais acurada para fungos, tendo em vista que poucos gêneros desse reino foram classificados. Assim, as leituras foram alinhadas contra o banco de dados *UNITE* (NILSSON *et al.,* 2019) por meio do software *SortMeRNA* (KOPYLOVA, NOÉ, TOUZET, 2012) e um *script* local utilizando *Pyhton 3.10*. Os alinhamentos resultantes com *e-value* < 0.05 e cobertura mínima de 90%, foram atribuídos às categorias taxonômicas de Filo, Classe, Ordem, Família, Gênero e Espécie, sendo os limiares de identidade utilizados de 80%, 85%, 90%, 95%, 97% e 99%, respectivamente.

4.5 Caracterização por espectroscopia Raman

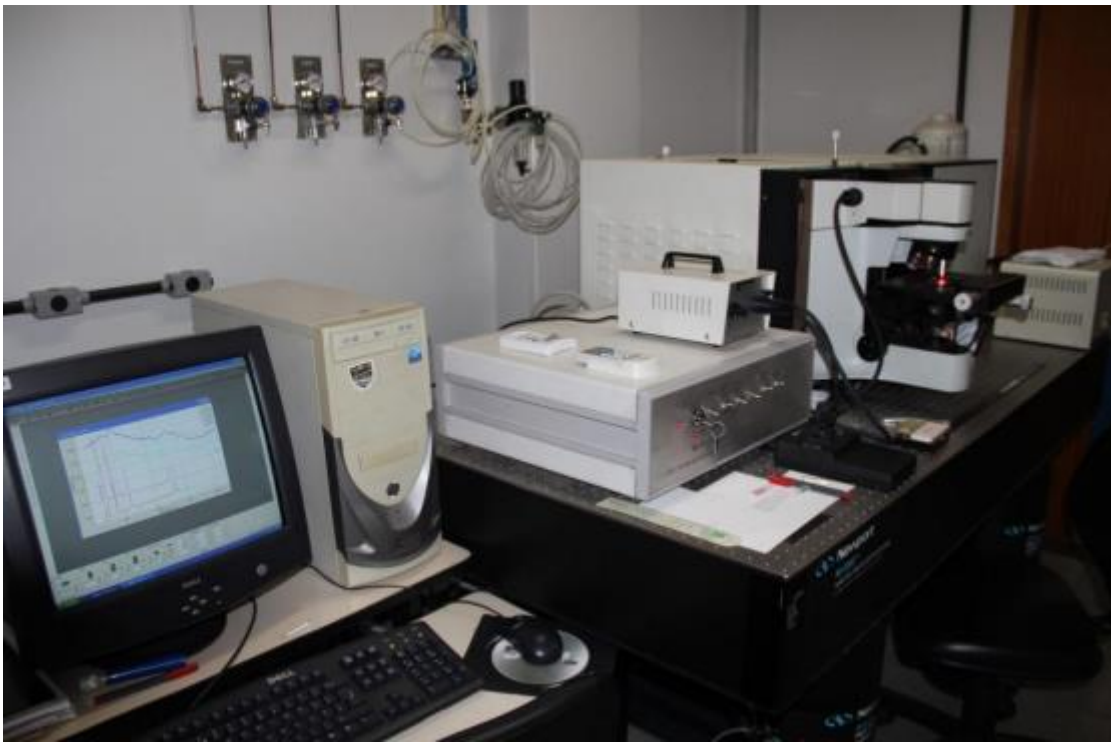
Uma amostra de biofime representando cada área do painel fotovoltaico (D1-1, D2-1 e D3-1) foi selecionada para as análises químicas. As amostras foram colocadas em lâminas de microscópio com o auxílio de uma pipeta Pasteur e secas em estufa à 60°C por 2 horas. Em seguida, as sub-amostras foram analisadas para identificação da estrutura cristalina do sólido (Figura 11). O equipamento *Jobin Yvon/Horiba modelo LabRam HR800* equipado com laser de hélio (633nm, 20mW) com acoplamento de Microscópio Óptico Olympus BX41 foi utilizado para análise Raman (Figura 12). Vale ressaltar que a técnica de Raman foi utilizada de forma pontual, identificando diversos minerais em diferentes pontos de cada sub-amostra.

Figura 11 – Resíduo de uma amostra utilizada para análise por espectroscopia Raman



Fonte: Próprio autor

Figura 12 – Espectrofotômetro Raman *Jobin Yvon/Horiba modelo LabRam HR800*



Fonte: Próprio autor

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após o pré-processamento das amostras, foram identificados cerca de 91,7 milhões de *reads*, que foram mapeados para cerca de 1,6 milhão de *contigs* com comprimentos que variaram de 200 a 1,5 milhão de pares de bases (Tabela 1). A quantidade de *reads* mapeadas em *contigs* foi semelhante ao número de *reads* obtidas (cerca de 98%), o que demonstra a qualidade do sequenciamento e também o sucesso da estratégia de *co-assembly* do *pipeline SqueezeMeta*. A partir desses *contigs* cerca de 1,6 milhão de *ORFs* foram preditas (Tabela 2).

Tabela 1 – Estatísticas do sequenciamento metagenômico considerando todas as amostras do painel fotovoltaico

Parâmetros	
Número de *reads*	91.745.311
Número de *contigs*	1.632.454
Comprimento total (bp)	2.099.364.156
***Contig* mais longo (bp)**	1.525.252
***Contig* mais curto (bp)**	200
N50 (bp)	3.441
Porcentagem de *reads* classificados em filo	86,8
Porcentagem de *reads* classificados em classe	80,9
Porcentagem de *reads* classificados em ordem	77,9
Porcentagem de *reads* classificados em família	71,3
Porcentagem de *reads* classificados em gênero	54,1
Porcentagem de *reads* classificados em espécie	13,4

Fonte: Próprio autor

Tabela 2 – Resumo dos resultados do sequenciamento metagenômico das amostras avaliadas neste estudo

Amostra	**Número de *reads* obtidos**	**Número de *reads* mapeadas em *contigs***	**Porcentagem de *reads* utilizadas**	**Número de ORFs preditas**
D1-1	114.626.774	112.624.543	98,25	1.738.010
D1-2	96.440.646	94.733.718	98,23	1.679.001
D1-3	86.902.252	85.368.813	98,24	1.644.878
D2-1	89.991.052	88.501.459	98,34	1.515.457
D2-2	87.438.946	86.065.000	98,43	1.477.064
D2-3	85.482.066	84.086.757	98,37	1.472.436
D3-1	86.515.390	85.319.603	98,62	1.590.736
D3-2	88.039.158	86.857.919	98,66	1.586.946
D3-3	90.271.516	89.025.014	98,62	1.611.003

Fonte: Próprio autor

5.1 Análises taxonômicas

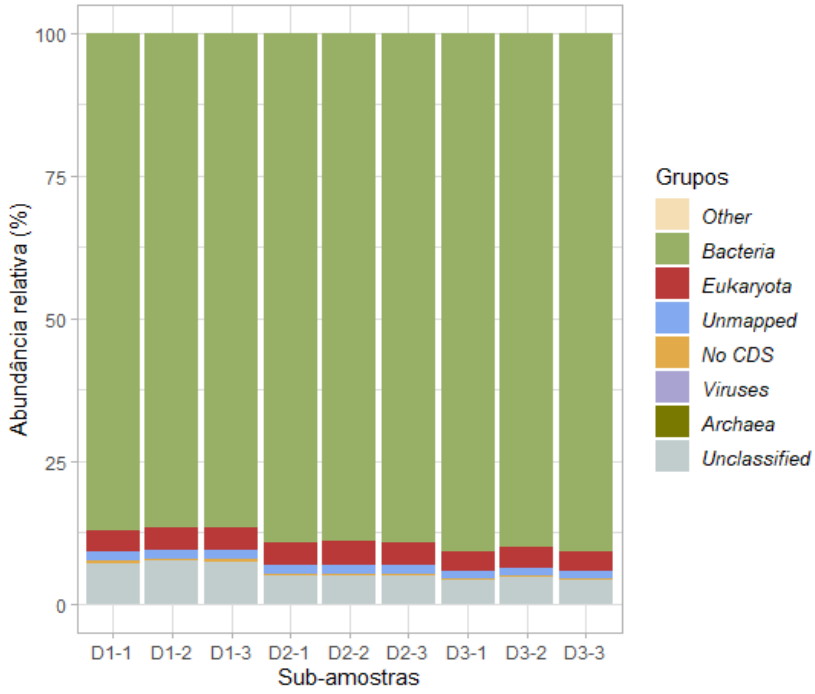
As amostras analisadas apresentaram bastante semelhança entre si quanto aos grupos taxonômicos avaliados, sendo constituídas por cerca de 89% de bactérias, 4% de eucariotos e 0,0004% de archaeas (Tabela 3 e Figura 13).

Tabela 3 – Grupos taxonômicos identificados nas amostras avaliadas neste estudo e suas respectivas abundâncias relativas

Grupos	**Abundância relativa (%)**								
	D1-1	D1-2	D1-3	D2-1	D2-2	D2-3	D3-1	D3-2	D3-3
Bacteria	87,0855	86,6699	86,7055	89,1042	89,0831	89,1476	90,8672	89,9059	90,8052
Unclassified[1]	7,2206	7,5302	7,4664	4,9821	5,0375	4,9757	4,1580	4,6879	4,1887
Eukaryota	3,6672	3,7477	3,7756	3,9654	4,0126	3,9535	3,2888	3,7322	3,3194
Unmapped[2]	1,7467	1,7699	1,7646	1,6553	1,5713	1,6323	1,3822	1,3417	1,3808
No CDS[3]	0,2788	0,2811	0,2867	0,2914	0,2941	0,2893	0,3034	0,3318	0,3054
Viruses	0,0007	0,0008	0,0008	0,0012	0,0011	0,0012	0,0003	0,0002	0,0002
archaea	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003	0,0005	0,0002	0,0002	0,0003

Fonte: Próprio autor

Figura 13 – Grupos taxonômicos identificados nas amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

[1] *Unclassified*: *reads* que não obtiveram classificação taxonômica, não sendo associado a nenhum microrganismo presente no banco de dados (SANGIOVANNI *et al.*, 2019).

[2] *Unmapped:* sequências que não foram mapeadas em *contigs*, ou seja, não condiz com nenhuma parte do genoma (SANGIOVANNI *et al.*, 2019).

[3] *No CDS:* leituras com potencial funcional, porém não confirmadas ou previstas incorretamente. O termo *Sequence CoDing (CDS)* relaciona-se com regiões do DNA que determinam uma sequência de aminoácidos em uma proteína (UNIPROT, 2022).

O trabalho de metagenômica realizado em painel fotovoltaico na Califórnia afirma ter identificado cerca de 30% de fungos, sendo uma abundância elevada em relação ao encontrado nesse estudo, mas que não supera a de bactérias. Já no trabalho dos painéis localizados em Valência foi identificada uma relação de bactéria e fungo de quase 50% (DORADO-MORALES *et al.*, 2016, PORCAR *et al.*, 2018). Enquanto que no trabalho de painéis localizados no Ártico e Antártica houve uma diferença grande entre a proporção de bactéria/fungo em cada região. Na primeira delas a abundância relativa de fungo é cerca de 3% e de bactéria de 85% enquanto que na segunda região, essa relação é de cerca de 10% e 60%, respectivamente. Nas amostras deste trabalho, identificou-se uma relação entre procarioto e fungo que se assemelha apenas ao trabalho realizado no Ártico, sendo a quantidade de fungos inferior quando comparado aos outros trabalhos citados. Já a abundância de bactéria representou quase 90% da abundância total (Tabela 3). De acordo com Tanner *et al.* (2020), a diversidade e a riqueza de bactérias e fungos variam de forma inversa durante as estações do ano nos painéis fotovoltaicos. Os autores observaram que, durante a primavera e verão, a diversidade e riqueza de bactérias aumenta, enquanto a de fungos diminui, e no outono e inverno, observaram o contrário. A coleta do painel fotovoltaico do presente trabalho foi realizada durante a primavera/verão, o que pode ser uma explicação para a diferença na relação bactéria/fungo.

5.1.1 Procariotos

Em termos de filos de procariotos, foram identificados cerca de 48 filos de bactéria e 10 filos de archaea na amostra D1, 43 de bactéria e 7 de archaea na amostra D2 e 33 filos de bactéria e 7 filos de archaea na amostra na D3. Os 10 filos de bactéria mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 estão apresentados na Tabela 4 e Figura 14, enquanto os filos de archaeas estão representados na Figura 15.

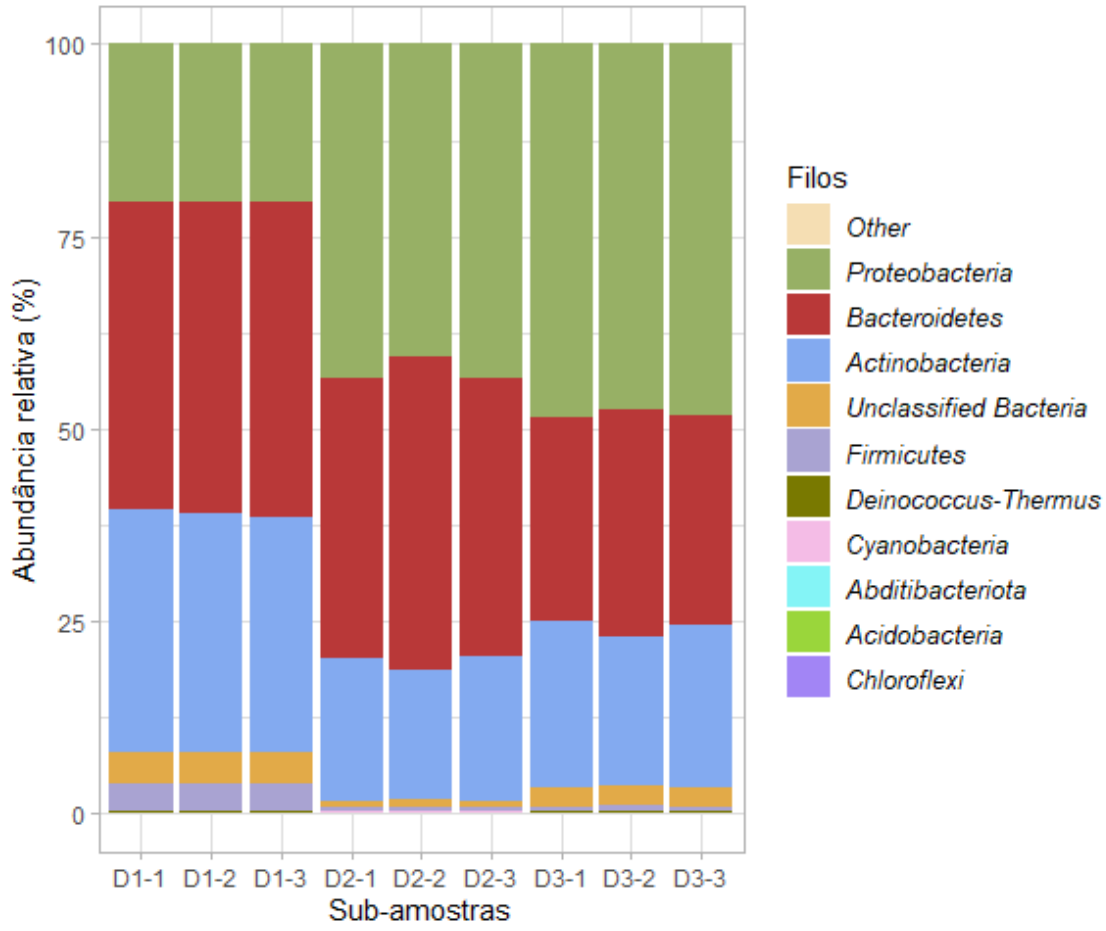
Tabela 4 – Filos de bactérias mais abundantes identificados nas amostras avaliadas neste estudo e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa

Filos	**D1**		**D2**		**D3**	
	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)
Proteobacteria	17.664.185	20,474	33.129.569	42,420	38.474.806	48,145
Bacteroidetes	34.886.522	40,496	29.485.652	37,759	22.096.625	27,656
Actinobacteria	26.882.024	31,121	14.117.973	18,078	16.640.524	20,819
Unclassified Bacteria	3.510.612	4,070	641.773	0,822	1.955.867	2,448
Firmicutes	3.073.121	3,564	480.738	0,616	453.985	0,568
Deinococcus-Thermus	125.734	0,146	43.019	0,055	279.061	0,349

Filos	D1		D2		D3	
	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)
Cyanobacteria	79.774	0,093	185.066	0,237	8.690	0,011
Abditibacteriota	13.847	0,016	1.592	0,002	88	0,000
Acidobacteria	8.627	0,010	3.681	0,005	536	0,001
Chloroflexi	1.485	0,002	2.096	0,003	400	0,001

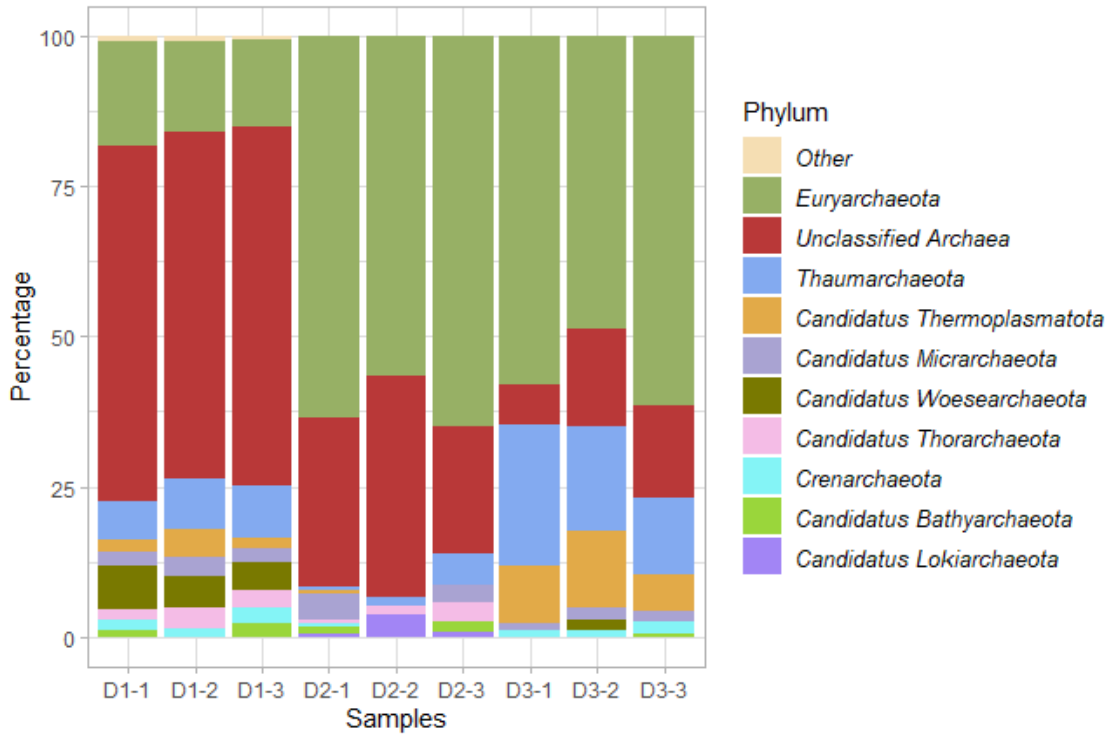
Fonte: Próprio autor

Figura 14 – Filos de bactérias mais abundantes identificados nas amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

Figura 15 – Filos de archaeas identificados nas amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

Os filos de bactérias mais abundantes nas amostras estudadas foram *Proteobacteria* (*~37%)*, *Bacteroidetes* (*~35%)* e *Actinobacteria* (*~23%)*. A abundância média de *Proteobacteria* variou de 20% a 48% entre as amostras, enquanto que a de *Bacteroidetes* e *Actinobacteria* variou de 27% a 40% e de 18 a 31%, respectivamente (Figura 14 e Tabela 4). O filo *Firmicutes* teve sua abundância relativa variando de 3,5 a 0,5 entre as amostras, sendo mais representativo na amostra D1. Os outros filos, como *Deinococcus-Thermus, Cyanobacteria, Abditibacteriota, Acidobacteria* e *Chloroflexi* foram identificados com menor abundância e estão bem distribuídos entre as amostras, com abundâncias relativas variando de 0,3 a 0,001 (Figura 14 e Tabela 4).

Os estudos de metagenômica e/ou metataxonômica de painéis fotovoltaicos localizados em Valência, na Califórnia, no Ártico e Antártica e em São Paulo, apresentam perfis de filos semelhantes ao presente trabalho (Quadro 3). Os filos *Proteobacteria*, *Bacteroidetes* e *Actinobacteria*, são os mais abundante em todos os trabalhos, seguidos geralmente pelos filos *Firmicutes* e *Cyanobacteria*, exceto no trabalho de Valência, em que o filo *Deinococcus* se apresenta como um dos principais, superando as Actinobacterias (Quadro 3). Este filo é conhecido como um marcador de extremofilia, devido ao gênero que tem o mesmo nome (DORADO-MORALES *et al.*, 2016).

Quadro 3 – Comparação de filos de bactérias mais abundantes identificados no referencial bibliográfico de estudos de painéis fotovoltaicos e neste trabalho

Localização do painel	Abordagem	Filos mais abundantes	Referência
Valência (Espanha)	Metagenômica	*Proteobacteria*	DORADO-MORALES *et al*., 2016
		Deinococcus	
		Bacteroidetes	
		Actinobacteria	
Berkley (Califórnia)	Metagenômica	*Actinobacteria*	PORCAR *et al.*, 2018
		Bacteroidetes	
		Proteobacteria	
		Deinococcus	
		Cyanobacteria	
		Firmicutes	
Tromsø (Ártico)	Metagenômica	*Proteobacteria*	TANNER *et al.*, 2018
		Actinobacteria	
		Bacteroidetes	
		Firmicutes	
		Cyanobacteria	
Ilha Livingston (Antartica)		*Proteobacteria*	
		Bacteroidetes	
		Cyanobacteria	
		Actinobacteria	
		Firmicutes	
São Paulo (Brasil)	Metataxonômica	*Proteobacteria*	MOURA et al., 2021
		Bacteroidetes	
		Cyanobacteria	
		Actinobacteria	
		Firmicutes	
		Deinococcus	
Belo Horizonte (presente trabalho)	Metagenômica	*Proteobacteria*	Não de aplica
		Bacteroidetes	
		Actinobacteria	
		Firmicutes	
		Deinococcus	

Fonte: Próprio autor

O filo *Proteobacteria* é considerado o maior filo de bactérias e o mais diverso em relação ao metabolismo. Pode ser encontrado em praticamente todos os lugares do mundo, devido às diferentes espécies adaptadas a sobreviver em ambientes com diversas concentrações de oxigênio, e as diversas formas de metabolismo de suas espécies. Normalmente, as proteobactérias são consideradas mesofílicas, vivendo em temperaturas moderadas. A maioria das espécies conhecidas pela medicina, indústria e setor agrícola são representantes desse filo,

provando sua diversidade e importância. Já o filo Bacteroidetes é conhecido e estudado principalmente por ser um grande componente da comunidade microbiana do intestino humano. Dividido em quatro ordens, as espécies deste filo são bastonetes gram negativos e tipicamente sacarolíticas. Por fim, o filo *Actinobacteria* é conhecido principalmente pelo grupo actinomicetos, bactérias filamentosas encontradas no solo, porém também representa um filo muito diverso. Outra característica interessante desse filo é seu alto conteúdo GC quando comparado a bactérias de outros filos (MADIGAN *et al.*, 2018).

Em relação aos filos de archaea, percebe-se maior diferença entre as sub-amostras quando comparado às bactéria (Figura 15), o que já era esperado devido ao menor número de observações desse domínio, gerando maior variação percentual. Os filos *Euryarchaeota* e *Thaumarchaeota* foram identificados em maior abundância. O primeiro representa archaeas termofílicas, metanogênicas e halofílicas, e o segundo é composto por archaeas mesofílas com papéis importantes no ambiente, participando de processos como o ciclo do nitrogênio (BROCHIER-ARMANET *et al.*, 2008, CAVALIER-SMITH, CHAO, 2020).

Em relação aos gêneros de procariotos, foram identificados na sub-amostra D1-1, 1.037 gêneros de bactéria e 21 de archaea. Já na amostra D1-2, 1.021 gêneros de bactéria e 21 de archaea. Por fim, na sub-amostra D1-3, identificou-se 1.007 e 20 gêneros de bactéria e archaea, respectivamente. De maneira geral, os gêneros *Mucilaginibacter*, *Microbacterium* e *Cellulomonas* predominaram na amostra D1, representando cerca de 30% da abundância relativa. Os 40 gêneros de bacterias mais abundantes identificados nas sub-amostras D1 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa estão representados na Tabela 5.

Tabela 5 – Gêneros de bactérias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D1 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa

Gêneros	D1-1 Número de *reads*	D1-1 Abundância relativa (%)	D1-2 Número de *reads*	D1-2 Abundância relativa (%)	D1-3 Número de *reads*	D1-3 Abundância relativa (%)	Média (%)
Mucilaginibacter	21.551.983	18,80	18.355.871	19,03	16.773.217	19,30	19,05
Microbacterium	12.309.244	10,74	10.129.773	10,50	9.046.617	10,41	10,55
Unclassified	8.276.747	7,22	7.262.186	7,53	6.488.498	7,47	7,41
Cellulomonas	6.609.078	5,77	5.475.296	5,68	4.728.904	5,44	5,63
Unclassified Sphingobacteriaceae	5.907.751	5,15	4.924.543	5,11	4.528.751	5,21	5,16
Unclassified Bacteroidetes	5.333.773	4,65	4.497.500	4,66	4.150.228	4,78	4,70
Devosia	4.543.551	3,96	3.759.995	3,90	3.415.925	3,93	3,93
Unclassified Bacteria	4.066.407	3,55	3.389.057	3,51	3.076.373	3,54	3,53
Exiguobacterium	3.235.806	2,82	2.700.379	2,80	2.462.111	2,83	2,82

Gêneros	D1-1 Número de *reads*	D1-1 Abundância relativa (%)	D1-2 Número de *reads*	D1-2 Abundância relativa (%)	D1-3 Número de *reads*	D1-3 Abundância relativa (%)	Média (%)
Unclassified Micrococcaceae	2.925.761	2,55	2.408.851	2,50	2.195.531	2,53	2,53
Arthrobacter	2.496.862	2,18	2.068.875	2,15	1.865.587	2,15	2,16
Noviherbaspirillum	2.471.943	2,16	2.045.724	2,12	1.844.396	2,12	2,13
Hymenobacter	2.395.168	2,09	2.091.233	2,17	1.857.759	2,14	2,13
Unmapped	2.002.231	1,75	1.706.928	1,77	1.533.439	1,76	1,76
Sphingomonas	1.430.116	1,25	1.179.474	1,22	1.057.792	1,22	1,23
Unclassified Enterobacteriaceae	1.361.327	1,19	1.144.141	1,19	1.041.844	1,20	1,19
Methylobacterium	1.182.525	1,03	992.444	1,03	877.451	1,01	1,02
Unclassified Micrococcales	1.110.793	0,97	915.695	0,95	809.296	0,93	0,95
Unclassified Comamonadaceae	1.091.113	0,95	910.952	0,94	808.249	0,93	0,94
Unclassified Proteobacteria	985.695	0,86	849.086	0,88	762.622	0,88	0,87
Fibrella	978.570	0,85	802.959	0,83	742.699	0,85	0,85
Unclassified Oxalobacteraceae	930.191	0,81	778.108	0,81	695.858	0,80	0,81
Unclassified Cellulomonadaceae	830.084	0,72	683.657	0,71	595.927	0,69	0,71
Unclassified Burkholderiales	785.538	0,69	656.577	0,68	590.134	0,68	0,68
Unclassified Chitinophagaceae	730.620	0,64	602.959	0,63	552.512	0,64	0,63
Actinotalea	730.291	0,64	608.512	0,63	516.092	0,59	0,62
Unclassified Actinomycetia	709.516	0,62	584.384	0,61	517.750	0,60	0,61
Unclassified Microbacteriaceae	701.717	0,61	579.651	0,60	516.944	0,59	0,60
Labedella	700.039	0,61	574.583	0,60	511.381	0,59	0,60
Cnuella	688.187	0,60	571.941	0,59	524.166	0,60	0,60
Variovorax	591.694	0,52	501.135	0,52	442.253	0,51	0,51
Unclassified Hyphomicrobiales	583.690	0,51	480.777	0,50	435.349	0,50	0,50
Nocardioides	561.542	0,49	467.222	0,48	409.946	0,47	0,48
Unclassified Rhizobiaceae	545.712	0,48	451.823	0,47	409.512	0,47	0,47
Unclassified Hymenobacteraceae	537.372	0,47	459.438	0,48	415.093	0,48	0,47
Rhodococcus	519.737	0,45	431.387	0,45	384.712	0,44	0,45
Alsobacter	513.408	0,45	423.484	0,44	376.708	0,43	0,44
Unclassified Solirubrobacteraceae	464.739	0,41	386.802	0,40	337.302	0,39	0,40
Unclassified Alphaproteobacteria	445.595	0,39	372.207	0,39	334.493	0,38	0,39
Unclassified Cytophagales	416.327	0,36	349.690	0,36	318.914	0,37	0,36

Fonte: Próprio autor.

Em relação à amostra D2, foram identificados na sub-amostra D2-1, 936 gêneros de bactéria e 11 de archaea. Já na amostra D2-2, 909 gêneros de bactéria e 9 de archaea. Por fim, na sub-amostra D2-3 identificou-se 917 e 11 gêneros de bactéria e archaea, respectivamente. Os gêneros *Pedobacter*, *Noviherbaspirillum*, *Unclassified Micrococcaceae* e *Massilia* predominaram na amostra D2, representando cerca de 32% da abundância relativa. Os 40 gêneros de bacterias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D2 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa estão representados na Tabela 6.

Tabela 6 – Gêneros de bactérias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D2 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa

Gêneros	D2-1	D2-1	D2-2	D2-2	D2-3	D2-3	Média (%)
	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	
Pedobacter	23.824.789	26,47	26.399.063	30,19	22.552.745	26,38	27,68
Noviherbaspirillum	6.975.386	7,75	6.333.007	7,24	6.634.551	7,76	7,59
Unclassified Micrococcaceae	5.471.180	6,08	4.971.887	5,69	5.168.453	6,05	5,94
Unclassified Oxalobacteraceae	5.005.514	5,56	4.521.997	5,17	4.772.728	5,58	5,44
Massilia	4.559.432	5,07	4.088.843	4,68	4.339.698	5,08	4,94
Unclassified	4.483.423	4,98	4.404.704	5,04	4.253.319	4,98	5,00
Brevundimonas	4.026.223	4,47	3.664.673	4,19	3.802.331	4,45	4,37
Cellulomonas	3.200.928	3,56	2.733.746	3,13	3.140.554	3,67	3,45
Unclassified Bacteroidetes	2.421.519	2,69	2.633.691	3,01	2.286.916	2,68	2,80
Microbacterium	2.350.423	2,61	2.079.623	2,38	2.249.982	2,63	2,54
Hymenobacter	2.289.225	2,54	2.130.797	2,44	2.160.356	2,53	2,50
Methylobacterium	2.115.464	2,35	1.877.055	2,15	2.011.350	2,35	2,28
Unclassified Burkholderiales	2.079.251	2,31	1.916.162	2,19	1.977.255	2,31	2,27
Sphingomonas	1.986.941	2,21	1.781.250	2,04	1.882.062	2,20	2,15
Arthrobacter	1.504.256	1,67	1.367.421	1,56	1.428.653	1,67	1,64
Unmapped	1.489.593	1,66	1.373.946	1,57	1.395.309	1,63	1,62
Unclassified Proteobacteria	1.419.555	1,58	1.342.739	1,54	1.349.623	1,58	1,56
Devosia	1.356.013	1,51	1.273.461	1,46	1.277.915	1,49	1,49
Alsobacter	713.604	0,79	629.573	0,72	681.455	0,80	0,77
Unclassified Bacteria	658.166	0,73	641.609	0,73	625.543	0,73	0,73
Unclassified Betaproteobacteria	608.478	0,68	576.012	0,66	578.934	0,68	0,67
Nocardioides	501.291	0,56	434.241	0,50	483.627	0,57	0,54
Unclassified Hyphomicrobiales	478.019	0,53	441.261	0,50	452.412	0,53	0,52
Paenibacillus	442.730	0,49	437.808	0,50	422.349	0,49	0,50
Unclassified Rhizobiaceae	440.299	0,49	402.401	0,46	416.783	0,49	0,48
Unclassified Comamonadaceae	417.788	0,46	376.167	0,43	398.977	0,47	0,45

Gêneros	D2-1 Número de *reads*	D2-1 Abundância relativa (%)	D2-2 Número de *reads*	D2-2 Abundância relativa (%)	D2-3 Número de *reads*	D2-3 Abundância relativa (%)	Média (%)
Azohydromonas	414.902	0,46	364.900	0,42	397.102	0,46	0,45
Unclassified Dothideomycetes	389.065	0,43	375.306	0,43	366.189	0,43	0,43
Unclassified Alphaproteobacteria	375.189	0,42	341.705	0,39	355.435	0,42	0,41
Fibrella	370.623	0,41	364.978	0,42	351.497	0,41	0,41
Unclassified Methylobacteriaceae	266.243	0,30	238.576	0,27	251.375	0,29	0,29
No CDS	262.239	0,29	257.125	0,29	247.314	0,29	0,29
Unclassified Actinomycetia	249.691	0,28	221.501	0,25	242.807	0,28	0,27
Curtobacterium	243.133	0,27	218.687	0,25	235.212	0,28	0,27
Unclassified Micrococcales	242.516	0,27	213.653	0,24	232.226	0,27	0,26
Unclassified Acetobacteraceae	230.791	0,26	197.340	0,23	222.979	0,26	0,25
Klenkia	216.444	0,24	186.154	0,21	208.734	0,24	0,23
Unclassified Caulobacteraceae	207.284	0,23	189.854	0,22	196.261	0,23	0,23
Bosea	199.977	0,22	175.060	0,20	190.821	0,22	0,21
Unclassified Cyanobacteria	164.536	0,18	181.283	0,21	157.535	0,18	0,19

Fonte: Próprio autor.

Em relação à amostra D3, foram identificados na sub-amostra D3-1, 814 gêneros de bactéria e 12 de archaea. Já na amostra D3-2, 829 gêneros de bactéria e 12 de archaea. Por fim, na sub-amostra D3-3 identificou-se 830 e 12 gêneros de bactéria e archaea, respectivamente. Os gêneros *Massília*, *Hymenobacter, Cellulomonas e Mucilaginibacter* predominaram na amostra D3, representando cerca de 40% da abundância relativa. Os 40 gêneros de bacterias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa estão representados na Tabela 7.

Tabela 7 – Gêneros de bactérias mais abundantes identificados nas sub-amostras de D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa.

Gêneros	D3-1 Número de *reads*	D3-1 Abundância relativa (%)	D3-2 Número de *reads*	D3-2 Abundância relativa (%)	D3-3 Número de *reads*	D3-3 Abundância relativa (%)	Média (%)
Massilia	17.711.139	20,47	17.153.131	19,48	18.423.283	20,41	20,12
Hymenobacter	12.412.481	14,35	12.777.956	14,51	12.855.955	14,24	14,37
Cellulomonas	4.404.319	5,09	3.758.962	4,27	4.515.545	5,00	4,79
Mucilaginibacter	4.010.973	4,64	5.324.758	6,05	4.519.150	5,01	5,23
Unclassified	3.597.288	4,16	4.127.155	4,69	3.781.190	4,19	4,34
Noviherbaspirillum	3.501.689	4,05	3.513.916	3,99	3.640.920	4,03	4,02
Unclassified Micrococcaceae	3.436.774	3,97	3.418.728	3,88	3.556.011	3,94	3,93
Sphingomonas	3.303.110	3,82	3.213.152	3,65	3.428.319	3,80	3,76

Gêneros	D3-1 Número de *reads*	D3-1 Abundância relativa (%)	D3-2 Número de *reads*	D3-2 Abundância relativa (%)	D3-3 Número de *reads*	D3-3 Abundância relativa (%)	Média (%)
Unclassified Oxalobacteraceae	3.165.957	3,66	3.182.141	3,61	3.290.280	3,64	3,64
Microbacterium	3.028.153	3,50	2.820.863	3,20	3.131.590	3,47	3,39
Unclassified Cellulomonadaceae	1.917.981	2,22	1.611.689	1,83	1.951.585	2,16	2,07
Unclassified Bacteria	1.887.971	2,18	2.008.577	2,28	1.971.052	2,18	2,22
Unclassified Hymenobacteraceae	1.808.661	2,09	1.876.382	2,13	1.882.729	2,09	2,10
Unclassified Micrococcales	1.728.924	2,00	1.510.465	1,72	1.769.231	1,96	1,89
Unclassified Burkholderiales	1.724.847	1,99	1.727.959	1,96	1.786.325	1,98	1,98
Escherichia	1.419.805	1,64	1.691.530	1,92	1.499.899	1,66	1,74
Unclassified Comamonadaceae	1.335.530	1,54	1.265.669	1,44	1.377.739	1,53	1,50
Unmapped	1.195.787	1,38	1.181.239	1,34	1.246.502	1,38	1,37
Unclassified Bacteroidetes	1.177.678	1,36	1.366.256	1,55	1.224.287	1,36	1,42
Methylobacterium	1.080.144	1,25	1.027.051	1,17	1.109.012	1,23	1,21
Unclassified Proteobacteria	1.024.578	1,18	1.105.710	1,26	1.076.439	1,19	1,21
Arthrobacter	676.072	0,78	669.310	0,76	700.454	0,78	0,77
Pedobacter	515.651	0,60	681.730	0,77	582.368	0,65	0,67
Unclassified Caulobacteraceae	473.040	0,55	439.131	0,50	486.422	0,54	0,53
Unclassified Actinomycetia	422.942	0,49	389.123	0,44	434.497	0,48	0,47
Curtobacterium	422.872	0,49	388.498	0,44	435.663	0,48	0,47
Phenylobacterium	395.769	0,46	367.478	0,42	404.891	0,45	0,44
Unclassified Rhizobiaceae	387.763	0,45	392.459	0,45	399.527	0,44	0,45
Unclassified Dothideomycetes	354.145	0,41	400.248	0,45	373.648	0,41	0,43
Unclassified Alphaproteobacteria	350.134	0,40	348.369	0,40	363.325	0,40	0,40
Unclassified Betaproteobacteria	336.116	0,39	351.010	0,40	351.881	0,39	0,39
Unclassified Sphingomonadaceae	305.016	0,35	304.863	0,35	316.241	0,35	0,35
Unclassified Sphingomonadales	279.430	0,32	281.600	0,32	289.521	0,32	0,32
Deinococcus	273.642	0,32	257.956	0,29	282.129	0,31	0,31
No CDS	262.487	0,30	292.131	0,33	275.660	0,31	0,31
Flavobacterium	261.557	0,30	339.830	0,39	295.601	0,33	0,34
Unclassified Sphingobacteriaceae	214.427	0,25	278.341	0,32	238.730	0,26	0,28
Paenubacillus	212.998	0,25	259.406	0,29	228.196	0,25	0,26
Unflassified Microbacteriaceae	183.738	0,21	174.786	0,20	191.999	0,21	0,21
Unclassified Hyphomicrobiales	159.353	0,18	157.051	0,18	165.269	0,18	0,18

Fonte: Próprio autor.

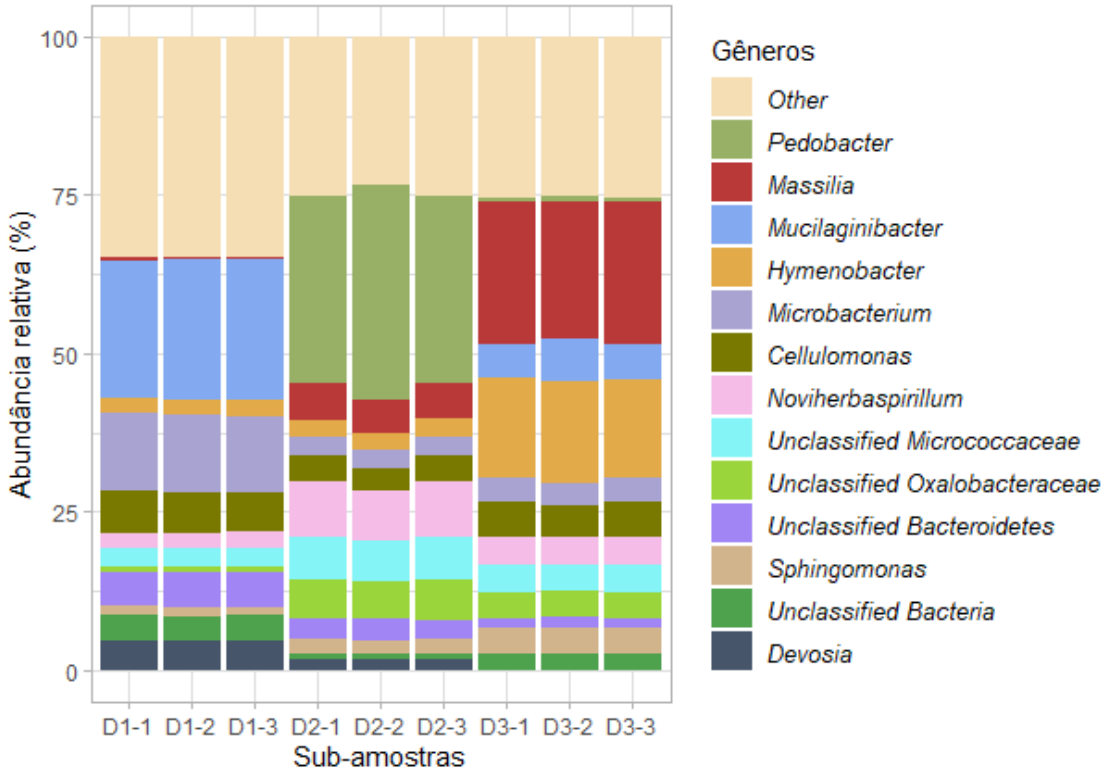
Comparando-se os resultados da Tabela 5, Tabela 6, Tabela 7, e da Figura 16, é possível perceber que as sub-amostras apresentaram resultados semelhantes em relação à identificação e abundância relativa dos táxons, representando a boa reprodutibilidade das sub-amostras. Porém, comparando as amostras, percebe-se uma grande diferença entre alguns gêneros, principalmente em relação aos mais abundantes (Tabela 8 e Figura 16).

Tabela 8 – Média das abundâncias relativas entre os gêneros das bactérias mais abundantes das amostras avaliadas neste estudo

Gêneros mais abundantes	**D1 (%)**	**D2 (%)**	**D3 (%)**
Pedobacter	0,02	27,68	0,67
Massilia	0,36	4,94	20,12
Mucilaginibacter	19,05	0,00	5,23
Hymenobacter	2,13	2,50	14,37
Microbacterium	10,55	2,54	3,39
Cellulomonas	5,63	3,45	4,79
Noviherbaspirillum	2,13	7,59	4,02
Unclassified Micrococcaceae	2,53	5,94	3,93
Unclassified Oxalobacteraceae	0,81	5,44	3,64
Unclassified Bacteroidetes	4,70	2,79	1,42
Sphingomonas	1,23	2,15	3,76
Unclassified Bacteria	3,53	0,73	2,22
Devosia	3,93	1,49	0,05
Unclassified	7,41	5,00	4,34
Unclassified Sphingobacteriaceae	5,16	0,01	0,28
Arthrobacter	2,16	1,64	0,77

Fonte: Próprio autor.

Figura 16 – Gêneros de bactérias mais abundantes das amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

Os gêneros *Mucilaginibacter* e *Microbacterium* foram predominantes na amostra D1, representando cerca de 30% da abundância relativa. Entretanto, o *Mucilaginibacter* não esteve presente na amostra D2 e representou apenas cerca de 5% das *reads* na amostra D3, e o gênero *Microbacterium* representou um pouco mais que 10% das *reads* em D1 e cerca de 3% em D2 e D3 (Figura 16 e Tabela 8).

As bactérias que compõem o o gênero *Mucilaginibacter* (*Sphingobacteriaceae*) são aeróbias e gram-negativas, e podem ser isoladas de diversos ambientes, mas principalmente solo e água. A temperatura de crescimento varia de 4ºC a 37ºC, havendo diversas espécies tolerantes a baixas temperaturas. Existem relatos desse microrganismo em solos da Antártica, solo de mina de manganês, minas de ouro-cobre, geleiras entre outros (PANKRATOV *et al.*, 2007, YAN *et al.*, 2019, ZHOU *et al.*, 2019). As espécies do gênero *Mucilaginibacter* são conhecidas principalmente pela produção de grandes quantidades de substâncias poliméricas extracelulares. De acordo com Kumar, Mukhia e Kumar (2022), os EPS de origem microbiana se tornaram biopolímeros importantes para a indústria devido às suas vantagens de produção sustentável e não toxicidade. Essas substâncias podem ser aplicadas na indústria alimentícia, farmacêutica e cosmética como bioemulsificantes, bioativos, estabilizantes e espessantes. Os

mesmos autores estudaram e caracterizaram as substâncias poliméricas provenientes da linhagem *Mucilaginibacter sp.* ERMR7:07 constatando a elevada produção de EPS (26,4 mg/mL) e caracterizando-a como substância crioprotetora. Além disso, a substância apresentou capacidade de biossorção de íons metálicos, podendo ser utilizada em processos de biorremediação. De acordo com Sedlacek *et al.* (2017), algumas espécies desse gênero são também produtoras de carotenóides. Até o momento, esse gênero foi identificado em painéis fotovoltaicos localizados no Ártico e na Antártica com abundância relativa menor que 0,1% (Quadro 4).

O gênero *Microbacterium* representa bactérias gram-positivas da família *Microbacteraceae*. A maioria das espécies foi isolada de ambientes terrestres e aquáticos e são conhecidas por sua resistência ao calor e a capacidade de degradar hidrocarbonetos (CORDOVEZ *et al.*, 2018). De acordo com Reis-Mansur *et al.* (2019), muitas espécies são identificadas no continente da Antártica, considerado extremo devido à baixa temperatura, além da alta incidência de radiação solar, logo, essas espécies possuem mecanismos de defesa, sendo um deles a produção de carotenóides. Os autores comprovaram a produção dessas substâncias e demonstram que elas têm um papel na resistência a radiação e fotoproteção. Srana *et al.* (2019) comprovaram a capacidade de produção de grandes quantidades de EPS de uma cepa identificada como *Microbacterium aurantiacum* isolada da praia de Rasthakaadu na Índia, além de atestar características como resistência a elevadas temperaturas, atividade antioxidante e elevada viscosidade. O gênero *Microbacterium* foi identificado também no painel fotovoltaico de Valencia e do Ártico através de técnicas de cultivo (TANNER et al., 2018, TANNER et al., 2019) (Quadro 4).

O gênero *Pedobacter* (*Sphingobacteriaceae*) foi identificado como gênero predominante na amostra D2, representando quase 30% da abundância relativa. Entretanto, nas amostras D1 e D3 os percentuais de *reads* para este gênero foram bastante baixos, não ultrapassando 1% (Tabela 8). Esse gênero comporta bactérias gram-negativas, aeróbias e psicotróficas. Existem espécies capazes de sobreviver a temperaturas maiores, como *P. africanus* e *P. saltans*. Primeiramente, o gênero *Pedobacter* foi identificado em solo, porém atualmente é encontrado em diversos outros nichos como água, alimentos refrigerados, peixes, lodos e outros ambientes. Existem espécies identificadas em ambientes extremos com grande quantidade de radiação e ambientes glaciais, outras são resistentes a antibióticos como ampicilina, canamicina e ciproflaxacin (BJERKETORP *et al.*, 2021, VIANA *et al.*, 2018, WEI *et al.*, 2018). Xue *et al.* (2021) estudaram duas cepas produtoras de polissacarídeos extracelulares isoladas do deserto

Mu Us, na China, sendo uma delas identificada como *Pedobacter*. As características de baixa disponibilidade de água e grandes variações de temperatura do deserto se assemelham às do painel fotovoltaico, podendo ser um fator de estímulo para a produção do EPS, e consequente formação de biofilme como mecanismo de defesa. Correa-Llantén, Amenábar e Blanmey (2012) afirmaram que esse gênero é capaz de produzir diversos pigmentos do grupo dos carotenóides, que possuem um papel importante na proteção dos microrganismos contra radiação e estresse oxidativo, sendo muito observados em amostras de painéis fotovoltaicos (TANNER et al., 2019). Além disso, esse gênero secreta esfingolipídeos, que, de acordo com Dorado-Morales *et al.* (2016), está relacionado a adesão a superfícies lisas, ajudando na fixação do microrganismo ao painel (MARGESIN, SHIVAJI, 2015).

Muitas espécies de *Pedobacter* descritas na literatura foram isoladas de amostras de solo. O painel fotovoltaico em estudo está localizado em uma movimentada avenida na zona urbana de Belo Horizonte, portanto poeira e sedimentos vindos do solo certamente tem acesso à superfície do painel. Esse gênero também foi identificado nos painéis fotovoltaicos do Ártico e da Antártica, e em Valencia, Espanha (Quadro 4).

Os gêneros *Massilia* (*Oxalobacteraceae)* e *Hymenobacter* (*Hymenobacteraceae)* foram os mais abundantes na amostra D3, representando cerca de 35% da abundância relativa. De forma semelhante ao *Pedobacter*, esses dois gêneros apresentaram diferença significativa em relação a abundância nas outras amostras, contribuindo com menos 5% da comunidade procariótica das amostras D1 e D2 (Tabela 8). O gênero *Massilia* é representado por bactérias gram-negativas e aeróbias isoladas de diversos ambientes, como sangue, água, ar, solo e ambientes extremos como permafrost, solos do ártico e núcleos de gelo. Muitas espécies são consideradas psicotróficas e há relatos de espécies isoladas de ambientes com temperaturas de 0ºC (SON *et al.*, 2018, YANG *et al.*, 2019). Yang *et al.* (2019) e Wang *et al.* (2018) identificaram pigmentos de coloração roxo escuro nas colônias das espécies *M. atriviolacea* e *M. violaceinigra*, porém, não existem estudos aprofundados sobre a composição desses pigmentos, podendo ser carotenóides, já que essas substâncias são encontradas com frequência em locais extremos. O gênero *Massilia* também foi identificado em painéis fotovoltaicos localizados em São Paulo (MOURA *et al.*, 2021), e em painéis localizados no Ártico e na Antártica (TANNER *et al.*, 2018), porém com abundância inferior a 1%.

O gênero *Hymenobacter* comporta bactérias gram-negativas, aeróbias, em formato de bastonetes, com temperatura de crescimento que varia entre 4°C e 42°C. Utilizam matéria

orgânica como fonte de energia e são descritas como formadoras de biofilme, sendo a aglomeração celular devida a produção de compostos poliméricos extracelulares. Membros do gênero já foram identificados em diversos ambientes, muitos considerados extremos, como ambientes radioativos, minas de urânio e locais com alta radiação UV e ambientes gelados, como Antártica, Ártico, sedimentos de permafrost e geleiras (BUCZOLITS, BUSSE, 2015, CHUNGA *et al.*, 2010, MARIZCURRENA *et al.*, 2019, SEDLÁCEK *et al.*, 2019). De acordo com Sedlácek *et al.* (2019), muitas espécies desse gênero são conhecidas por sua resistência à radiação, aos raios UV e a dessecação, sendo adaptados para ambientes extremos. Além disso, Marizcurrena *et al.* (2019) confirmou a presença de carotenóides produzidos pelo *Hymenobacter sp.*, o que corrobora com a resistência à radiação e raios UV dos membros desse gênero.

Todos os trabalhos que analisaram amostras provenientes de painéis fotovoltaicos utilizando metagenômica e metataxonômica descrevem o gênero *Hymenobacter* como um dos mais comuns e abundantes (DORADO-MORALES *et al.*, 2016, MOURA *et al.*, 2021, PORCAR *et al.*, 2018, TANNER *et al.*, 2018). Além disso, Porcar *et al.* (2018) identificou o *Hymenobacter* através de cultivo, além da metagenômica, em Berkeley, Califórnia (Quadro 4 e Figura 17). Mihailovski, Rajilic-Stojanovic e Dimitriievic-Brankovi (2020) pesquisaram a utilização de uma enzima hidrolítica proveniente de uma espécie de *Hymenobacter* para a hidrólise de resíduo de pão e sua subsequente utilização como biomassa para a produção de bioetanol. Além disso, os autores citaram outras aplicações industriais possíveis para esse gênero, como produção e separação de dextrinas, mostrando seu potencial biotecnológico e incentivando mais pesquisas com as espécies desse gênero.

O gênero *Cellulomonas* teve distribuição mais homogênea entre as amostras, se comparado aos gêneros já discutidos (Tabela 8). Pertencente à família *Cellulomonadaceae*, esse gênero é composto por espécies gram-positivas e preferencialmente aeróbias, porém apresentam espécies microaerofílicas. A temperatura de crescimento varia de 5 ºC a 43 °C, sendo a temperatura ótima em torno de 30 °C. A principal característica das *Cellulomonas* é sua capacidade de secretar diversas enzimas que degradam polissacarídeos, principalmente a celulose (LI *et al.*, 2021, STACKEBRANDT, SCHUMANN, 2015, SWATHY *et al.*, 2020). Esse gênero foi previamente identificado em um estudo de dois anos em um painel fotovoltaico localizado em Valencia, na Espanha, através de metataxonômica (Quadro 4) (TANNER et al., 2020).

O gênero Noviherbaspirilum (Oxalobacteraceae) é representado por bactérias gram-negativas e aeróbias. Suas espécies podem ser isoladas de diversos ambientes como solo, ar, locais contaminados por petróleo, pastagens, entre outros (CHAUDHARY, DAHAL, HONG, 2021). Além do presente estudo, Moura *et al.* (2021) foram os únicos que identificaram este gênero em painéis fotovoltaicos.

Alguns gêneros não foram classificados, tendo sido identificados apenas ao nível de família (Tabela 8). A primeira delas é a família *Micrococcaceae,* que possui 34 gêneros atualmente (EUZÉBY, PARTE, 2022a), enquanto as famílias *Oxalobacteraceae* e *Sphingobacteriaceae* possuem 20 e 16 gêneros, respectivamente (EUZÉBY, PARTE, 2022b, EUZÉBY, PARTE, 2022c), representando famílias muito heterogêneas. Porcar *et al.* (2018) descrevem a presença da ordem *Micrococcales*, família *Micrococcaceae*, em painel fotovoltaico da Califórnia, sendo que a identificação também ficou apenas em nível de família.

O gênero *Sphingomonas* (*Sphingomonadaceae*) é composto por bactérias gram-negativas de pigmentação amarela que possuem uma gama de aplicações em biorremediação e biodegradação de contaminantes ambientais (ASAF *et al.*, 2020). Esse gênero é conhecido pela tolerância ao estresse, sendo identificado em outros painéis fotovoltaicos espalhados pelo mundo (DORADO-MORALES, 2016, TANNER *et al.*, 2018, MOURA *et al.*, 2021). De acordo com Satari, Iglesias e Porcar (2023) o gênero *Sphingomonas* desempenha um papel crucial nas etapas iniciais de colonização microbiana e formação de biofilme.

De maneira geral, as comunidades de microrganismos identificadas nas amostras D1, D2 e D3 apresentaram algumas semelhanças quando comparadas aos estudos que utilizaram abordagem metagenômica ou metataxonômica (Quadro 4 e Figura 17). Dorado-Morales *et al.* (2016), Porcar *et al.* (2018) e Tanner *et al.* (2018) estudaram a comunidade microbiana de painéis localizados em Valencia, na Califórnia e no Ártico e Antártica respectivamente, através de metagenômica. Em Valencia foram identificados gêneros como *Deinococcus, Sphingomonas, Hymenobacter* e *Novosphingobium* em abundância, já na Califórnia houve predominância do gênero *Hymenobacter,* seguido de *Deinococcus* e *Modestobacter*. No Ártico predominou *Hymenobacter, Sphingomonas* e *Methylobacterium*, enquanto na Antártica predominou *Hymenobacter*, *Nostoc*, *Sphingomonas*, entre outros. Moura *et al.* (2021) estudaram superfícies de painéis fotovoltaicos localizados em São Paulo, utilizando metataxonômica, e descrevem gêneros como *Methylobacterium, Acidiphilum, Sphingomonas, Deinococcus, Massilia* e *Noviherbaspirillum* (Quadro 4 e Figura 17).

Os gêneros *Hymenobacter* e *Sphingomonas* foram citados em todos os trabalhos, demonstrando um padrão na comunidade microbiana de painéis fotovoltaicos. Isso acontece provavelmente pela elevada resistência desses gêneros à radiação e dessecação. Outros gêneros que se repetiram com frequência foi *Deinococcus*, conhecido por ser um marcador de extremofilia, bem como *Microbacterium* e *Methylobacterium* (Quadro 4 e Figura 17). Ainda considerando estudos de metataxonômica em painéis solares, Tanner *et al.* (2020) estudaram a superfície desses painéis durante dois anos coletando amostras de forma regular em períodos de 7 semanas, para estudar a variação dos gêneros em relação ao tempo. Os autores identificaram, em maior abundância, *Modestobacter*, *Sphingomonas*, *Hymenobacter* e *Deinoccocus* de forma constante, ou seja, com abundâncias que não variaram durante o tempo. Além dessas bactérias, dentre as quinze mais abundantes apresentadas por eles, outras também são comuns às identificadas neste trabalho, como *Arthrobacter* e *Methylobacterium*. Shirakawa *et al.* (2015) também identificou esses gêneros em amostras coletadas de painéis fotovoltaicos expostos ao ar por período de seis meses em São Paulo, além de gêneros como *Hymenobacter*, *Tetracoccus* e *Bacillus*. Entretanto, estes autores utilizaram a técnica de amplificação gênica com o marcador 16S rRNA, seguido de clonagem molecular como técnica de identificação (Quadro 4 e Figura 17).

Outros autores também utilizaram abordagem dependente de cultivo para estudar a comunidade microbiana em painéis fotovoltaicos. Martin-Sanchez *et al.* (2018) identificaram gêneros de bactérias como *Rhodococcus*, *Massília* e *Pseudomonas*. Já no trabalho de Porcar *et al.* (2018), mencionado anteriormente, além da análise metagenômica, foi realizado o cultivo de bactérias, com o qual os gêneros *Arthrobacter* e *Rhodococcus* foram identificados. Por fim, Tanner *et al.* (2019), também por meio de cultivo, identificou gêneros como *Arthrobacter*, *Microbacterium*, *Pedobacter* e *Sphingomonas* durante a bioprospecção de bactérias pigmentadas isoladas de painéis solares (Quadro 4 e Figura 17).

Quadro 4 – Comparação de gêneros de bactérias mais abundantes identificados no referencial bibliográfico de estudos de painéis fotovoltaicos

Localização do painel	**Abordagem**	**Principais gêneros identificados**	**Referência**
Valência (Espanha)	Metodo dependente de cultivo	*Microbacterium*	DORADO-MORALES et al., 2016
		Arthrobacter	
		Kocuria	
		Pseudomonas	
		Bacillus	
	Metataxonômica	*Deinococcus*	

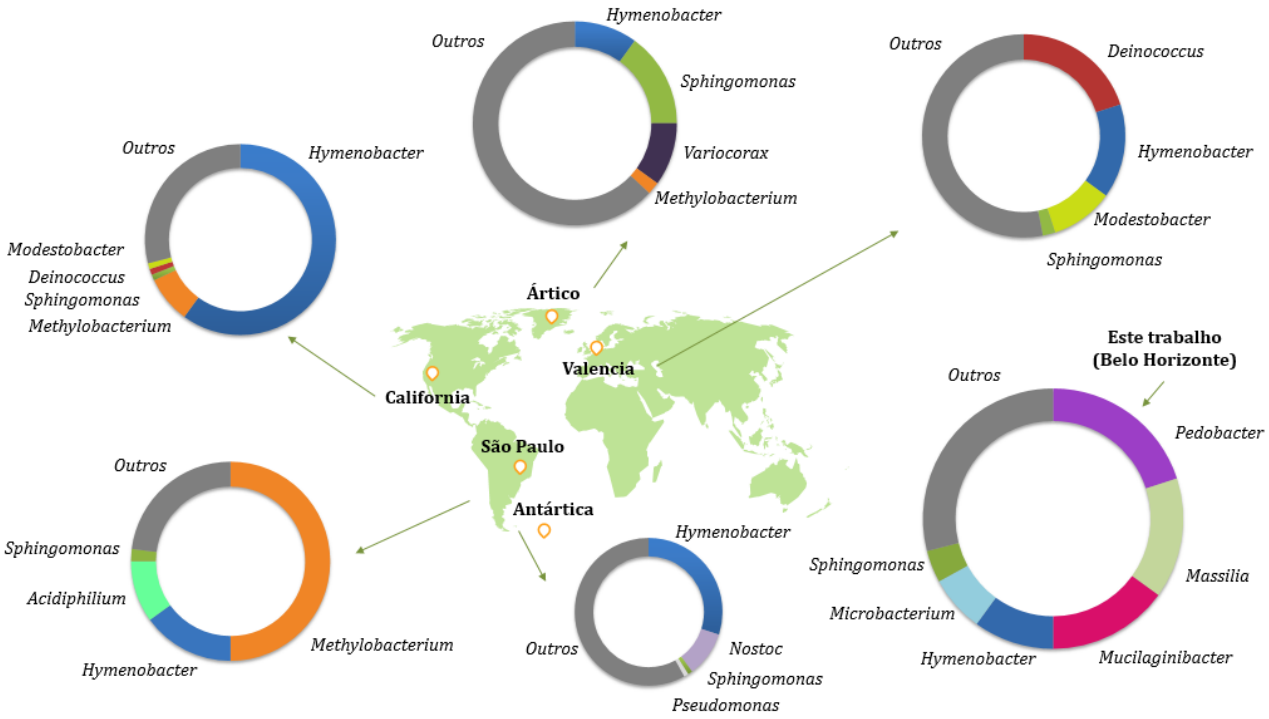
Localização do painel	Abordagem	Principais gêneros identificados	Referência
		Hymenobacter	
		Novosphingobium	
		Sphingomonas	
		Modestobacter	
	Metagenômica	*Deinococcus*	
		Sphingomonas	
		Hymenobacter	
		Novosphingobium	
	Metodo dependente de cultivo	*Agrococcus*	TANNER et al., 2019
		Sphingomonas	
		Pedobacter	
		Microbacterium	
		Arthrobacter	
		Rhodobacter	
	Metataxonomica (Monitoramento de 2 anos)	*Modestobacter*	TANNER et al., 2020
		Deinococcus	
		Sphingomonas	
		Hymenobacter	
		Arthrobacter	
		Methylobacterium	
Tromsø (Ártico)	Metodo dependente de cultivo	*Cryobacterium*	TANNER et al., 2018
		Sphingomonas	
		Curtobacterium	
		Microbacterium	
		Dioszegia	
	Metagenomica	*Hymenobacter*	
		Sphingomonas	
		Methylobacterium	
		Variovorax	
		Pseudomonas	
		*Pedobacter**	
		*Mucilaginibacter**	
		*Massilia**	
		*Cellulomonas**	
Ilha Livingston (Antartica)	Metodo dependente de cultivo	*Rhodotorula*	
		Alcaligenes	
		Curtobacterium	
	Metagenomica	*Hymenobacter*	
		Nostoc	
		Sphingomonas	
		Pseudomonas	
		Bradyhizobium	
		Acinetobacter	

Localização do painel	Abordagem	Principais gêneros identificados	Referência
		*Pedobacter**	
		*Mucilaginibacter**	
		*Cellulomonas**	
Berkley (Califórnia)	Metodo dependente de cultivo	*Arthrobacter*	PORCAR et al., 2018
		Hymenobacter	
		Rhodococcus	
		Methylobacterium	
		Deinococcus	
	Metagenômica	*Hymenobacter*	
		Deinococcus	
		Modestobacter	
		Sphingomonas	
		Streptomyces	
		Methylobacterium	
São Paulo (Brasil)	Metataxonomica	*Methylobacterium*	MOURA et al., 2021
		Hymenobacter	
		Acidiphilium	
		Sphingomonas	
		Deinococcus	
		Massilia	
		Noviherbaspirillum	
	Amplificação de 16S rRNA/Clonagem gênica	*Arthrobacter*	SHIRAKAWA et al., 2015
		Tetracoccus	
		Hymenobacter	
		Bacillus	
		Methylobacterium	
Berlin (Alemanha)	Metodo dependente de cultivo	*Rhodococcus*	MARTIN-SANCHEZ et al., 2018)
		Massilia	
		Pseudomonas	
Belo Horizonte (presente trabalho)	Metagenômica	*Pedobacter*	NA
		Massilia	
		Mucilaginibacter	
		Hymenobacter	
		Sphingomonas	
		Cellulomonas	
		Noviherbaspirillum	

* Gêneros identificados com baixa abundância, mas que são mencionados para fins de comparação

Fonte: Próprio autor

Figura 17 – Comparação de gêneros de bactérias mais abundantes identificados no referencial bibliográfico de estudos de painéis fotovoltaicos



Fonte: Próprio autor

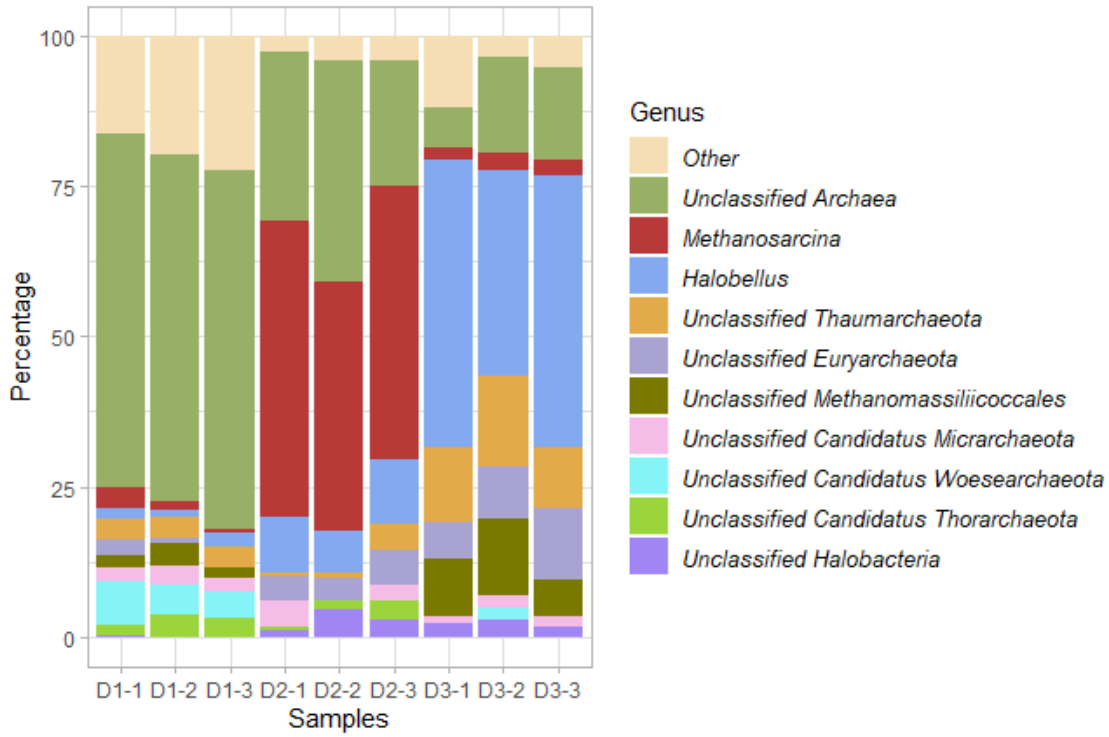
Alguns gêneros ainda não foram mencionados devido a menor abundância, porém merecem destaque pelo seu potencial biotecnológico. O gênero *Arthorobacter*, por exemplo, foi identificado neste trabalho com abundância relativa de cerca de 2%, e em outros trabalhos de metagenômica e metataxonômica de painéis fotovoltaicos (Quadro 4). Esse gênero é capaz de degradar hidrocarbonetos alifáticos e aromáticos, sendo utilizado para biorremediação dessas substâncias poluentes no solo. Além disso, é conhecido por sua tolerância a elevada salinidade e ambientes extremos, resistindo a mudanças de temperatura, radiação e substâncias tóxicas, como vários herbicidas e alguns metais e cromatos (MONGODIN *et al.*, 2006, PLOTNIKOVA *et al.*, 2011, PORCAR et al., 2018).

Outro gênero de interesse discutido em diversos trabalhos é o *Rhodococcus*, identificado no presente trabalho com abundância relativa de cerca de 0,4%. Esse gênero engloba bactérias encontradas em uma ampla gama de ambientes, e a presença de ácidos micólicos em sua parede celular confere resistência a diversos fatores de estresse, tais como ampla variação de pH (3 à 11), temperatura (-5 ºC à 40 °C), concentração salina (0,5% à 7%) e dessecação. Vale ressaltar que bactérias resistentes à dessecação são interessantes do ponto de vista biotecnológico devido

a sua capacidade de armazenar lipídios, sendo importante na produção sustentável de combustível. Além dessas características, os *Rhodococcus* são também capazes de degradar uma ampla gama de substâncias orgânicas e, por isso, espécies esse gênero possuem diversas aplicações em biorremediação, biotransformação, biocatálise entre outros (DE CARVALHO, 2012, PÁTEK, GRULICH, NESVERA, 2021). Além disso, esse gênero é conhecido pela larga produção de EPS, substâncias importantes na adesão a superfícies e formação de biofilmes (PÁTEK, GRULICH, NESVERA, 2021, PORCAR *et al.*, 2018, URAI *et al.*, 2007).

A descrição e estudos das comunidades de archaeas na literatura é menor quando comparado a de bactérias. Nos estudos de painéis fotovoltaicos existem apenas menções às archaeas identificadas, sem detalhar sua funcionalidade e suas características extremofílicas. Porém, os microrganismos do domínio archaea também merecem destaque, pois, apesar de serem encontrados em menor abundância, as archaeas são organismos com características diversificadas e interessantes, possuindo alta capacidade de sobrevivência em ambientes extremos (RAMPELOTTO, 2013). As archaeas representaram apenas cerca de 0,0004% da abundância total das *reads* analisadas neste estudo (cerca de 350 *reads*), e assim como os eucariotos, poucas archaeas foram identificadas em nível de gênero com o *pipeline* utilizado. Dentre as identificadas estão *Methanosarcina*, *Methanobacterium*, *Halobellus* e *Nitrososphaera*, além de cinco identificadas como *candidatus,* ou seja, uma nomenclatura provisória às bactérias e archaeas já descritas, mas que ainda não foram cultivadas (MURRAY, SCHLEIFER, 1994), sendo elas *Unclassified Candidatus Micrarchaeota*, *Unclassified Candidatus Woesearchaeota*, *Unclassified Candidatus Methanoperedenaceae*, *Unclassified Candidatus Thorarchaeota* e *Unclassified Candidatus Lokiarchaeota* (Figura 18). Cerca de 50% das ORFs provenientes das sub-amostras D1 foram identificadas apenas em nível de domínio (*Unclassified Archea*).

Figura 18 – Gêneros de archaeas mais abundantes das amostras avaliadas neste estudo



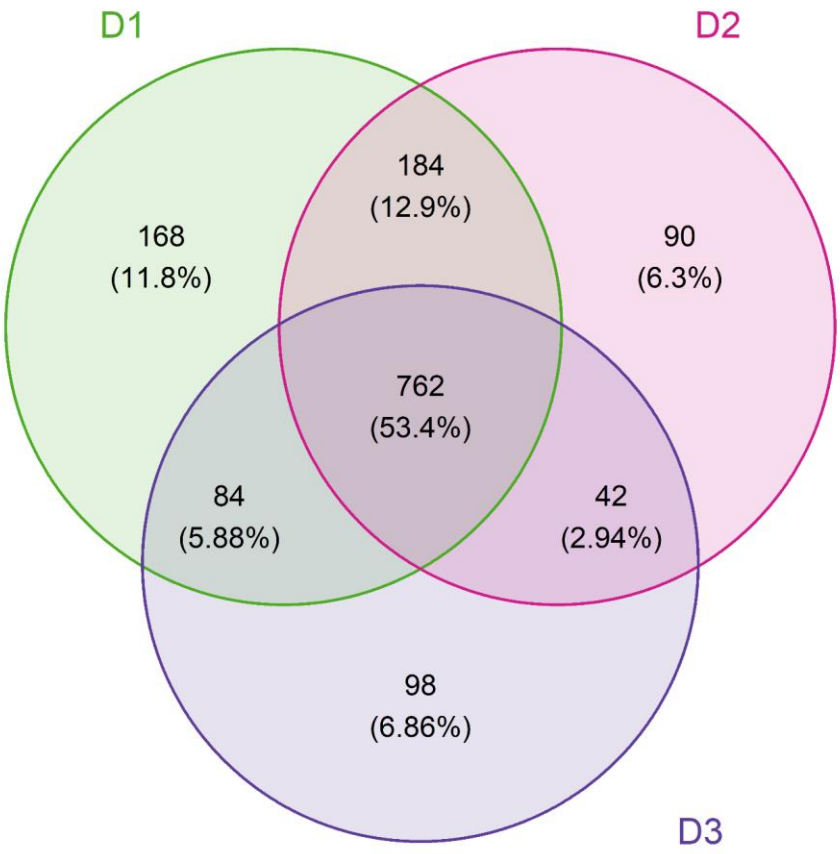
Fonte: Próprio autor

É possível perceber uma variação maior entre as amostras e sub-amostras se comparado as bactérias, porém essa diferença é provavelmente devida a baixa abundância de *reads* para esse domínio (Figura 18). Apesar dessa diferença, o padrão é mantido, havendo grande semelhança entre as replicatas técnicas e maior variação entre as biológicas. O gênero *Methanosarcina* representa archaeas anaeróbias e produtoras de metano. É considerada uma fonte de metano atmosférico desempenhando um papel importante no ciclo do carbono além de ser capaz de produzir metano por todas as três vias metabólicas de metanogênese, portanto sua utilização na produção de energia sustentável é promissora. Além disso, é um gênero que resiste a elevadas variações de temperatura e pH, e é conhecido pela produção de grandes quantidades de EPS e participação na formação de biofilme (BANG *et al.*, 2014, MAND, METCALF, 2019, ZHOU *et al.*, 2021, VRIEZE *et al.*, 2012). As archaeas do gênero *Halobellus* são aeróbias, apresentam faixa de temperatura de crescimento que varia de 20ºC a 55ºC, e pH entre 5 a 9. São pigmentadas de coloração vermelha, produtoras de carotenóides e conhecidas por sua capacidade de crescer em condições extremamente halofílicas, sendo isoladas de diversos ambientes, como salinas, lagos salgados, zonas húmidas salinas e salinas solares (CUI, 2015, HWANG et al., 2021).

5.1.2 Análises da distribuição da comunidade procariótica do painel fotovoltaico

Com o intuito de entender como os gêneros estão distribuídos entre as amostras, realizou-se a análise da comunidade *core* e *satellite*. A comunidade *core* é aquela composta por gêneros que estão presentes em todas as amostras, já os gêneros considerados *satellite* são aqueles que diferem entre as amostras, ou seja, que está ausente em uma ou mais amostras (JNANA *et al.*, 2020). Considerando o grande número de táxons identificados nas amostras, um diagrama de Venn foi contruido para auxiliar na visualização da comunidade *core* e *satellite* (Figura 19). Vale ressaltar que os 200 gêneros mais abundantes identificados nas amostras fazem parte da comunidade *core*, ou seja, foram identificados nas três amostras analisadas.

Figura 19 – Diagrama de Venn da comunidade procariótica compartilhada entre as amostras D1, D2 e D3



Fonte: Proprio autor

A comunidade *core* (Figura 19) compreendeu 762 gêneros de bactérias e archaeas, representando mais de 50% do número total de procariotos identificados, e inclui os gêneros *Pedobacter*, *Massília*, *Mucilaginibacter*, *Hymenobacter*, *Microbacterium*, *Cellulomonas*, *Sphingomonas*, *Methanosarcina* e *Halobellus*. Comparando-se as amostras par-a-par, é

possível perceber que D1 e D2 apresentaram o maior número de gêneros compartilhados (184), representando quase 13% dos gêneros, dentre os quais estão *Fibrisoma*, *Motilibacter* e *Solimonas*. Enquanto D2 e D3 compartilham um número menor de gêneros (42), menos de 3%, compreendendo gêneros como *Moraxella*, *Methylobrevis* e *Sutterella*. A amostra com maior número de gêneros exclusivos, ou seja, a que mais se difere das demais, é a D1, com 168 gêneros não compartilhados (11,8%), enquanto as amostras D2 e D3 apresentaram 90 (6,3%) e 98 (6,86%) gêneros exclusivos, respectivamente. Exemplos de gêneros exclusivos da amostra D1 são *Clostridioides*, *Fibrobacter*, *Leptospira* e *Sulfitobacter*, enquanto da amostra D2 são *Richelia*, *Pararcticibacter*, *Azorhizobium* e *Pseudorhodobacter*, e da D3 são *Malikia*, *Cloacibacterium*, *Megamonas* e *Sporomusa*.

5.1.3 Análises da diversidade da comunidade procariótica do painel fotovoltaico

Os índices de diversidade de Shanon e Simpson, para as nove sub-amostras, foram estimados utilizando as identificações taxonômicas de procariotos em nível de gênero (Tabela 9).

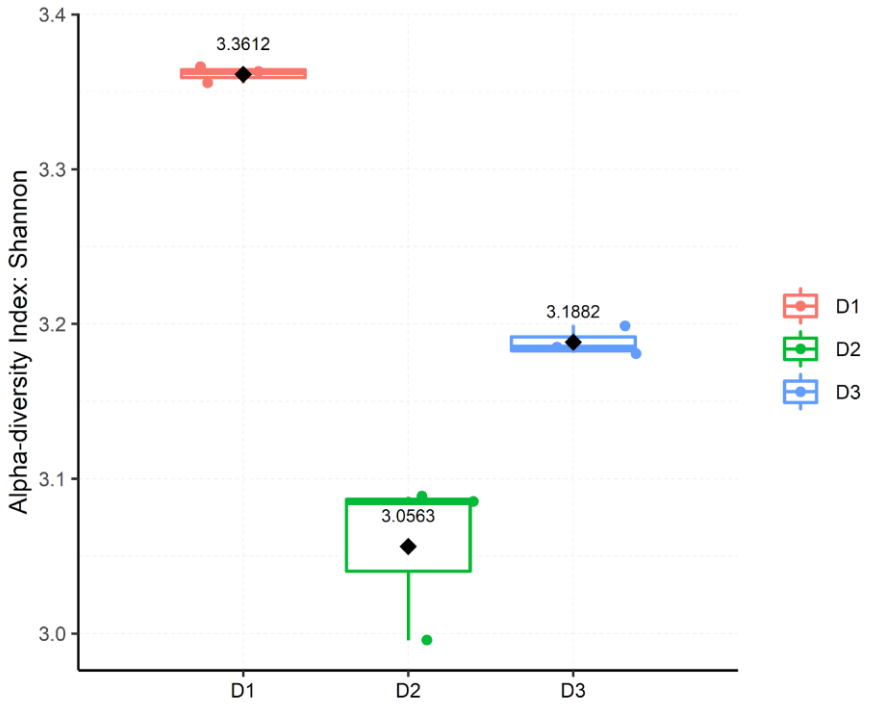
Tabela 9 – Índices de diversidade de Shannon e Simpson para as sub-amostras de D1, D2 e D3

Sub-amostras	Shannon	Simpson
D1-1	3,37	0,93
D1-2	3,36	0,93
D1-3	3,36	0,93
D2-1	3,09	0,90
D2-2	3,00	0,88
D2-3	3,09	0,90
D3-1	3,18	0,92
D3-2	3,20	0,92
D3-3	3,18	0,92

Fonte: Próprio autor.

Os valores encontrados para as sub-amostras são semelhantes, sendo que a maior variação intrínseca ocorreu para as sub-amostras de D2 (Figura 20).

Figura 20 – Representação gráfica dos índices de diversidade de Shannon das sub-amostras de D1, D2 e D3



Fonte: Próprio autor

Para a análise comparativa das amostras utilizou-se o teste estatístico *ANOVA* aplicado aos índices de diversidade de Shannon. Para que o teste *ANOVA* possa ser aplicado, duas premissas precisaram ser testadas, primeiro se as amostras seguem distribuição normal e segundo se são homogêneas. Para avaliar a normalidade utilizou-se o teste de *Shapiro-Wilk*, cuja hipótese nula aponta que os dados seguem distribuição normal. O *p*-valor foi 0,08326 (maior que 0,05), sendo a hipótese nula aceita e a distribuição dos dados considerada normal. Já para avaliar a homocedásticidade dos dados utilizou-se o teste de *Levene*, cuja hipótese nula afirma que os dados são homocedásticos e, como o *p*-valor foi de 0,4979 (maior que 0,05), a hipótese nula foi aceita. Assim, as duas premissas necessárias para aplicação do teste *ANOVA* foram cumpridas.

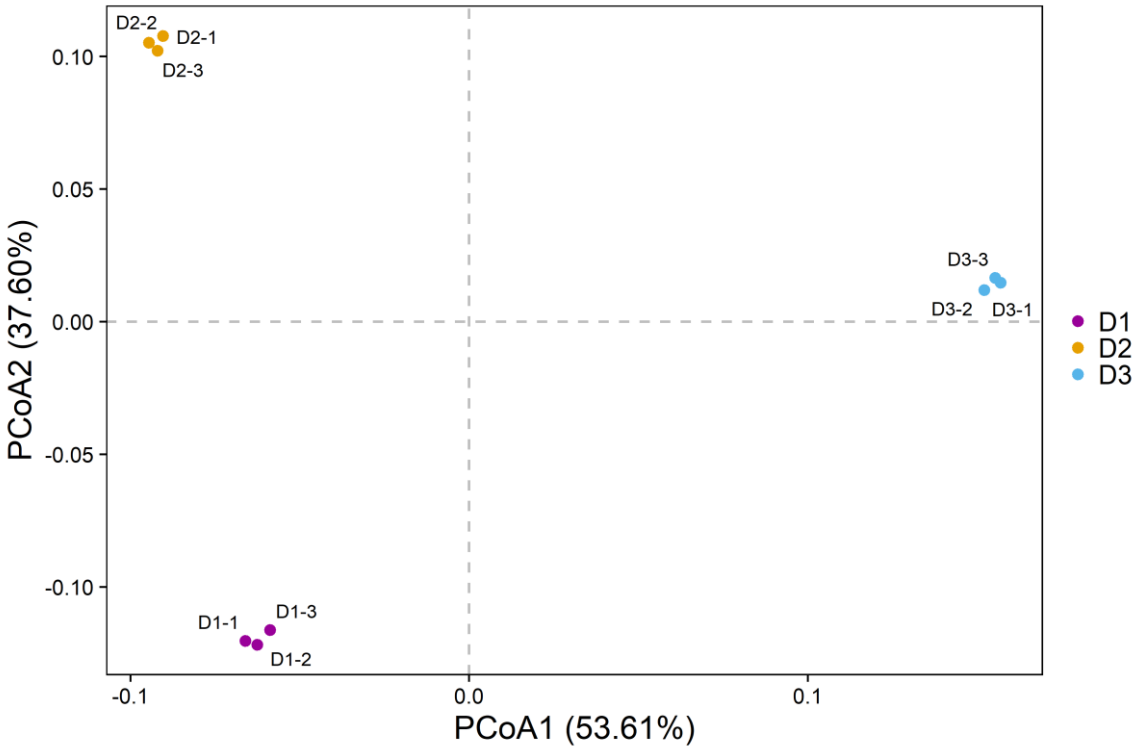
O teste *ANOVA* avaliou como hipótese nula que não existem diferenças significativas entre as médias das amostras D1, D2 e D3 e o *p*-valor retornado foi de 0,000062. Como o *p*-valor foi menor que 0,05 a hipótese nula foi rejeitada, indicando que o índice de diversidade de Shannon das amostras D1, D2 e D3 é estatisticamente diferente.

Após o teste *ANOVA*, realizou-se o *Post Hoc*, testes que permitem comparar os índices entre si (par-a-par) e identificar as diferenças de forma independente, ou seja, quais amostras são diferentes. Todos os *p*-valores foram menores que 0,05, indicando que todas as amostras

diferem entre si. Para a comparação das amostras D2 e D1 o *p*-valor foi de 0,00005, para comparação de D3 e D1 foi de 0,0012 e D2 e D3 foi de 0,0048.

A diversidade beta (β) foi analisada utilizando análise multivariada através da Análise de Coordenadas Principais (PCoA) utilizando a distância de *Bray-Curtis* e demonstrou a dissimilaridade composicional entre as amostras D1, D2 e D3, corroborando com os resultados taxonômicos e demonstrando que os gêneros entre cada amostra são estatisticamente diferentes (Figura 21). Os resultados corroboram com a dissimilaridade da diversidade, demonstrando que a composição das amostras também se difere a nível de gênero.

Figura 21 – Análise de coordenada principal (PCoA) da diversidade β utilizando a distância de Bray-Curtis e a abundância da comunidade microbiana das sub-amostras de D1, D2 e D3



Fonte: Próprio autor

É possível perceber que as sub-amostras de D1 se encontram muito próximas entre si, porém distante das outras amostras D2 e D3, mostrando a formação de grupos. Desta forma, as replicatas técnicas (sub-amostras) demonstraram grande similaridade nos resultados de identificação taxonômica e reprodutibilidade nos resultados do sequenciamento. Em relação as replicatas biológicas, houve significativa diferença de diversidade e composição entre as amostras, mostrando que embora próximas, as diferentes partes de um mesmo painel fotovoltaico apresentam diferenças (Figura 21).

Para auxiliar e comprovar a dissimilaridade visual da composição identificada pelo PCoA foi realizado uma análise de similaridade (*ANOSIM*), também usando a distância de *Bray-Curtis*, cuja hipótese nula afirma que não existe diferença entre as amostras e o p-valor retornado foi de 0,0034. Como o p-valor foi menor que 0,05 a hipótese nule foi rejeitada, indicando que existe diferença composicional entre as amostras D1, D2 e D3, comprovando, novamente, que são estatisticamente diferentes.

5.1.4 Eucariotos

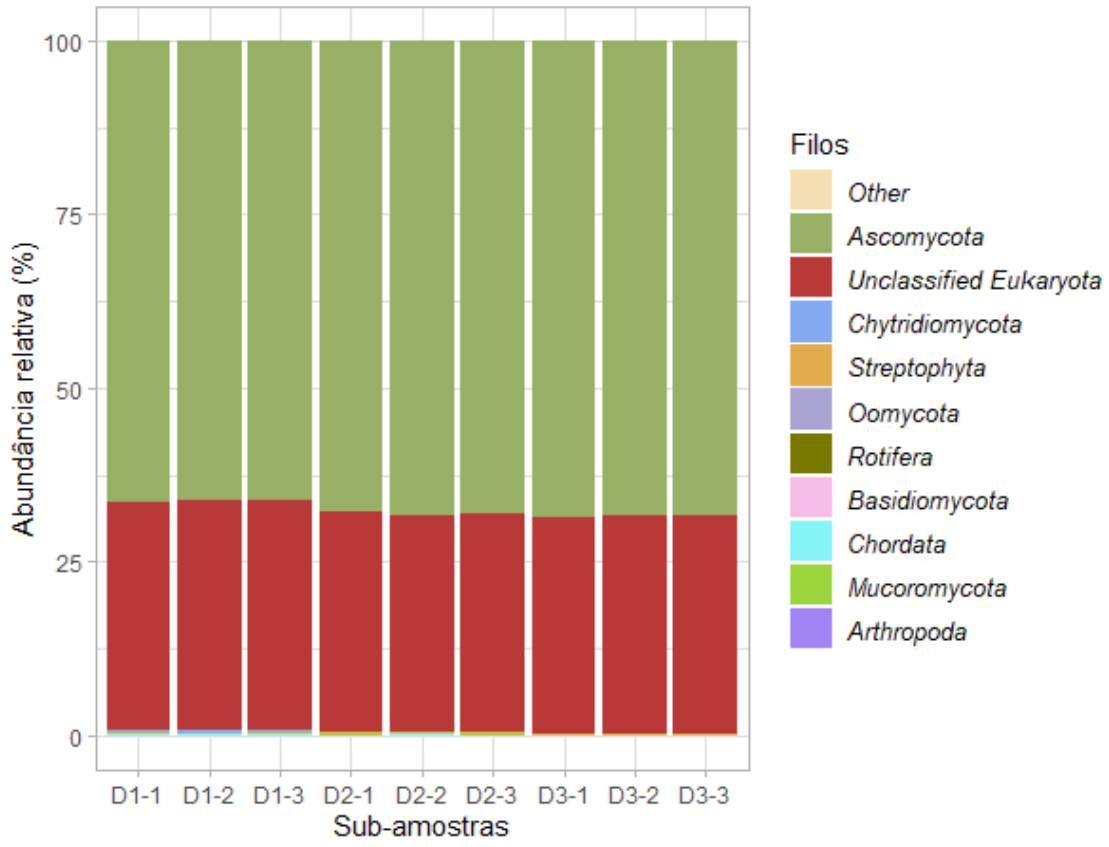
Em termos de filos de eucariotos, foram identificados cerca de 40 filos na amostra D1, 38 na D2 e 22 na D3. Os 10 filos de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 estão apresentados na Tabela 10, considerando a média das sub-amostras. Esses filos também estão representados na Figura 22 considerando a abundância relativa de cada sub-amostra.

Tabela 10 – Filos de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa

Filos	**D1**		**D2**		**D3**	
	Número de *reads*	**Abundância relativa (%)**	**Número de *reads***	**Abundância relativa (%)**	**Número de *reads***	**Abundância relativa (%)**
Ascomycota	2.420.646	65,42	2.302.521	66,06	2.200.220	72,33
Unclassified Eukaryota	1.246.444	33,70	907.201	26,03	831.715	27,32
Streptophyta	6.908	0,19	6.348	0,18	3.906	0,13
Chytridiomycota	7.276	0,20	7.324	0,21	2.287	0,08
Oomycota	3.640	0,10	1.301	0,04	656	0,02
Basidiomycota	2.031	0,06	1.800	0,05	1.317	0,04
Arthropoda	699	0,02	3.726	0,11	145	0,00
Rotifera	3.408	0,09	285	0,01	11	0,00
Chordata	1.974	0,05	1.181	0,03	190	0,01
Mucoromycota	866	0,02	381	0,01	59	0,00

Fonte: Próprio autor

Figura 22 – Filos de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

O principal filo identificado foi *Ascomycota*, o que já era esperado, visto que ele é considerado o maior filo dos fungos, composto de diversos gêneros, além de ser identificado em predominância nos outros trabalhos de metagenômica de painéis fotovoltaicos (DORADO-MORALES *et al.*, 2016, PORCAR *et al.*, 2018, TANNER et al., 2018). Além do *Ascomycota*, outros dois filos do reino fungi identificados foram *Chytridiomycota* e *Basidiomycota*, que é considerado o segundo maior filo desse reino (Figura 22 e Tabela 10). Cerca de 25% das ORFs foram não classificadas, chegando apenas em nível de reino. Os estudos de metagenômica de painéis localizados no Ártico e na Antártica, em Valencia e na Califórnia chegaram a identificação de fungos em nível de gênero (DORADO-MORALES *et al.*, 2016, PORCAR *et al.*, 2018, TANNER et al., 2018). Assim, novos estudos serão necessários para compreender e desvendar a comunidade de eucariotos dessas amostras de maneira mais específica.

O filo *Streptophyta* pertence ao reino *Viridiplantae*, sendo caracterizado por plantas embrionárias e uma parte das algas verdes, principalmente de águas doces. Esse filo também

foi identificado em baixa abundância em outros trabalhos de metagenômica e metataxonômica, como na Califórnia e Valência (DORADO-MORALES *et al.*, 2016, PORCAR *et al.*, 2018).

O filo *Oomycota* representa organismos que se assemelham aos fungos, principalmente pelos filamentos, mas não pertencem ao seu reino. Muitos *Oomycota* são considerados patogênicos às plantas. Já os filos *Arthropoda* e *Chordata* são considerados do reino animalia, representando filos muito heterogêneos. Esses organismos não foram citados nos trabalhos de metagenômica de painéis fotovoltaicos (ROSSMAN, PALM, 2006).

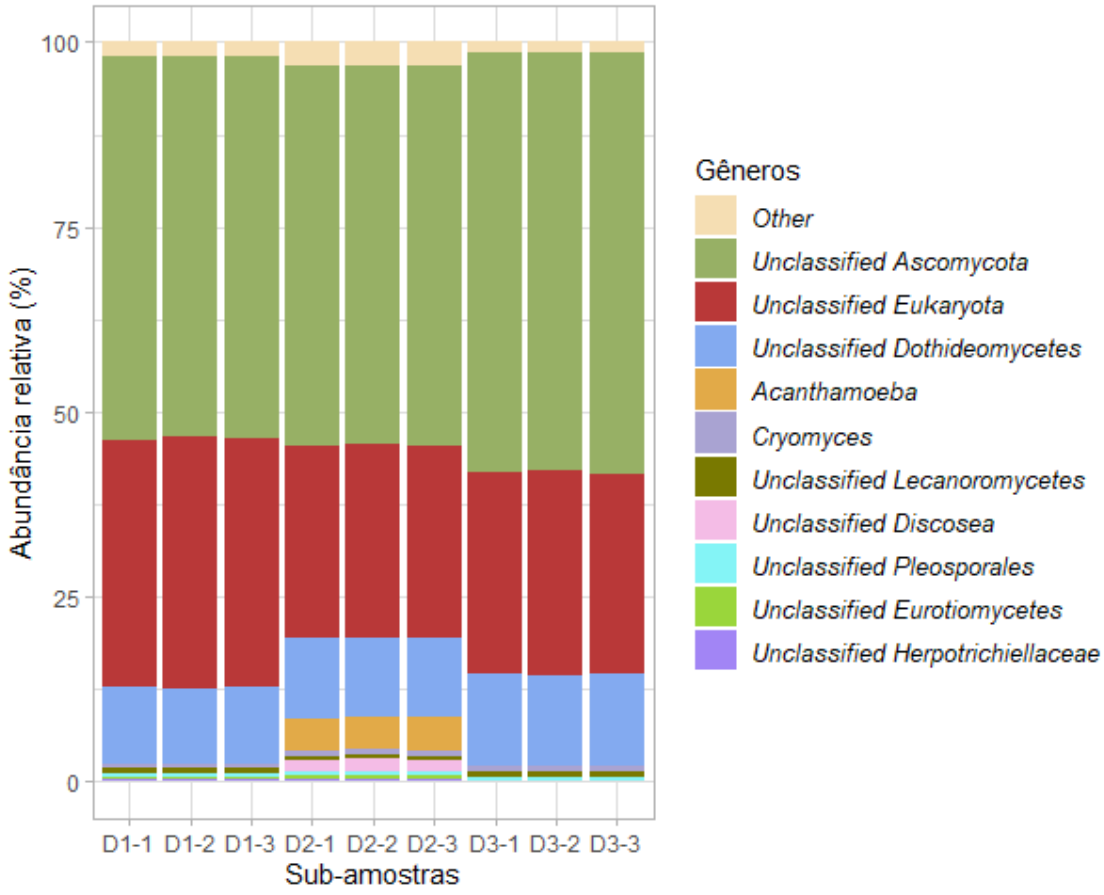
Em relação aos gêneros de eucariotos, foram identificados de maneira geral 405 gêneros na amostra D1, 420 na amostra D2 e 275 na amostra D3. Os 15 gêneros de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 estão representados na Tabela 11 e Figura 23.

Tabela 11 – Gêneros de eucariotos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa, considerando as médias das sub-amostras

Gêneros de eucariotos	**D1**		**D2**		**D3**	
	Número de *reads*	**Abundância relativa (%)**	**Número de *reads***	**Abundância relativa (%)**	**Número de *reads***	**Abundância relativa (%)**
Unclassified Ascomycota	1.909.897	51,61	1.791.348	51,39	1.730.684	56,89
Unclassified Eukaryota	1.246.444	33,70	907.201	26,03	831.715	27,32
Unclassified Dothideomycetes	379.186	10,25	376.853	10,81	376.014	12,37
Acanthamoeba	790	0,02	154.070	4,42	420	0,01
Cryomyces	24.323	0,66	26.259	0,75	23.702	0,78
Unclassified Lecanoromycetes	24.868	0,67	19.247	0,55	21.337	0,70
Unclassified Discosea	216	0,01	55.215	1,58	38	0,00
Unclassified Eurotiomycetes	16.364	0,44	19.841	0,57	3.255	0,11
Unclassified Pleosporales	14.625	0,40	15.470	0,44	14.480	0,48
Unclassified Herpotrichiellaceae	9.545	0,26	12.033	0,35	1.343	0,04
Unclassified Chaetothyriales	7.040	0,19	9.096	0,26	939	0,03
Aureobasidium	3.494	0,09	2.942	0,08	2.661	0,09
Unclassified Sordariomycetes	2.896	0,08	2.525	0,07	2.302	0,08
Alternaria	2.563	0,07	2.567	0,07	2.543	0,08
Batrachochytrium	2.721	0,07	2.911	0,08	883	0,03

Fonte: Próprio autor.

Figura 23 – Gêneros de eucariotos mais abundantes das amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

A maioria dos eucariotos não foram classificados a nível de gênero, apenas os *Acanthamoeba*, *Cryomyces*, *Aureobasidium*, *Alternaria* e *Batrachochytrium* (Tabela 11). Mais de 50% das ORFs foram identificadas como *Unclassified Ascomycota*. Cerca de 30% das ORFs foram identificadas como *Unclassified Eukaryota*, ainda mais inespecífico, chegando apenas à nível de reino. Assim, cerca de 80% das ORFs apresentaram identificação inespecíficas, o que revela a necessidade de estudos mais aprofundados e específicos para eucariotos e fungos.

Nos painéis fotovoltaicos da Califórnia, foram identificadas algumas classes de fungos como *Dothideomycetes*, *Eurotiomycetes*, *Lecanoromycetes*, de forma abundante (PORCAR *et al.*, 2018). No painel da Antártica foram identificadas as classes de fungos *Dothideomycetes*, *Lecanoromycetes*, *Eurotiomycetes* e *Sordariomycetes*. Já no Ártico identificou-se *Dothideomycetes* e *Leotiomycetes* (TANNER *et al.*, 2018). Em Valencia, as classes mais comuns foram *Dothiodeomycetes*, *Eurotiomycetes* e *Sordariomycetes*. (DORADO-MORALES *et al.*, 2016). Nesse trabalho identificou-se, principalmente *Dothideomycetes* (cerca de 10%) e

as outras três classes, *Eurotiomycetes* e *Lecanoromycetes* e *Sordariomycetes*, em menor abundância (menos de 1%).

O gênero *Acanthamoeba* é um protozoário com ação patogênica, causador de lesões cutâneas, infecções sinusais, inflamação na córnea e encefalite fatal. Foi isolado de diversos ambientes, dentre eles água, solo, águas termais, lagos de água salgada, torres de resfriamento de usinas nucleares, vegetais, umidificadores, lentes de contato entre diversos outros (SIDDIQUI, KHAN, 2012).

O gênero *Cryomyces* é conhecido pela espécie *C. antarticus*, o fungo mais extremofílicos já identificado. É considerado um fungo preto melanizado, o que significa que possui melanina, um pigmento presente na maioria dos fungos extremofílicos que confere resistência a radiação, calor, oxidação e dessecação (PACELLI *et al.*, 2020). O gênero *Aureobasidium* também é um fungo preto e melanizado, sendo considerado extremófilo e vivendo em diversas regiões, como desertos, salinas, água do mar, Antártica, geleiras, entre outros. É um gênero com diversas aplicações em indústrias devido a elevada gama de substratos e enzimas excretadas por ele (WANG *et al.*, 2022). De acordo com Shirakawa *et al.* (2015), a maioria dos fungos identificados nos painéis fotovoltaicos através de clonagem molecular são fungos pretos e melanizados, incluindo o *Aureobasidium*, e em Valencia identificou-se a presença de diversos fungos pretos com metagenômica (DORADO-MORALES *et al.*, 2016).

O gênero *Alternaria* foi identificado de forma predominante nos estudos de painel fotovoltaico das outras regiões do mundo. No presente trabalho, sua abundância foi considerada baixa, representando menos que 0,01% da abundância total de fungos. Porém, com a grande parcela de fungos e eucariotos não classificados, não se pode afirmar nada em relação a essa abundância. O gênero *Alternaria* é comumente identificado em solo e ar, sendo conhecido por sua patogenicidade às plantas e aos seres humanos, causando alergias respiratórias e infecções oportunistas. São considerados fungos melanizados pela presença de melanina na parede celular e em seus esporos, trazendo resistência a ambientes extremos. Além disso, esse gênero é conhecido pela grande quantidade de metabólitos secundários produzidos, sendo muitos deles considerados tóxicos para plantas e animais. Porém, diversos metabólitos secundários têm potencial biotecnológico, como atividade antitumoral, antimicrobiana e alguns já foram estudados como herbicidas (LOU *et al.*, 2013, PATRIARCA, VAAMONDE, PINTO, 2014).

Por fim, o *Batrachochytrium* é um gênero de fungos representado por apenas duas espécies até o momento, consideradas patógenas para anfíbios. A mais conhecida é a *B. dendrobatidis*,

responsável pela redução drástica da diversidade de anfíbios, causando uma doença chamada de quitridiomicose letal. O fungo é capaz de infectar uma grande diversidade de anfíbios, sendo que algumas espécies já correm risco de extinção. A segunda espécie desse gênero tem menor ocorrência, mas também acomete anfíbios, principalmente salamandras, com a mesma doença (BOSCH *et al.*, 2021, CARTER *et al.*, 2019, GBIF, 2021). Não foi possível identificar na literatura ocorrências desse gênero que não estejam relacionadas aos anfíbios.

Os estudos de fungos com a utilização da metagenômica e metataxonômica em superfícies de painéis fotovoltaicos é ainda mais escassa se comparado aos estudos de bactérias. Alguns trabalhos afirmam que os fungos também são responsáveis pela formação de biofilme, sendo necessário um estudo aprofundado sobre esse reino e sua presença nessas amostras (SHIRAKAWA *et al.*, 2015, MARTIN-SANCHEZ *et al.*, 2018).

Levando em consideração a baixa classificação dos eucariotos com a ferramenta SqueezeMeta e a importância dos fungos para o entendimento da comunidade microbiana presente na superfície do painel fotovoltaico, foi realizada uma análise utilizando o software *SortMeRNA* e o banco de dados *UNITE*, específico para fungos, visando aumentar a classificação desse reino. Os resultados do processamento dos dados (Tabela 12) mostraram que a abundância relativa de fungos identificado pelo software *SortMeRNA* está em torno de 0,014%, considerando apenas os *hits* de alta qualidade para realização deste cálculo.

Tabela 12 – Resultados do processamento de dados pelo software *SortMeRNA* nas sub-amostras do painel fotovoltaico

Sub-amostras	**Número de *reads***	**Média de comprimento**	**Número de *hits* totais**	**Números de *hits* de alta qualidade**	**Abundância relativa (%)**
D1-1	114.626.774	150	108.784	16.836	0,015
D1-2	96.440.646	150	95.494	14.060	0,015
D1-3	86.902.252	150	86.853	13.039	0,015
D2-1	89.991.052	150	74.634	12.350	0,014
D2-2	87.438.946	150	75.330	12.342	0,014
D2-3	85.482.066	150	70.197	11.555	0,014
D3-1	86.515.390	150	60.566	10.772	0,012
D3-2	88.039.158	150	67.757	12.525	0,014
D3-3	90.271.516	150	61.487	11.309	0,013

Fonte: Próprio autor

Foram identificados 5 filos nas amostras D1 e D3 e 6 filos na amostra D2, e comoesperado, o principal filo identificado foi o Ascomycota, o maior filo dos fungos (Tabela 13 e Figura 24). Como foi utilizado um banco de dados apenas para classificação de fungos, ou seja, não foi

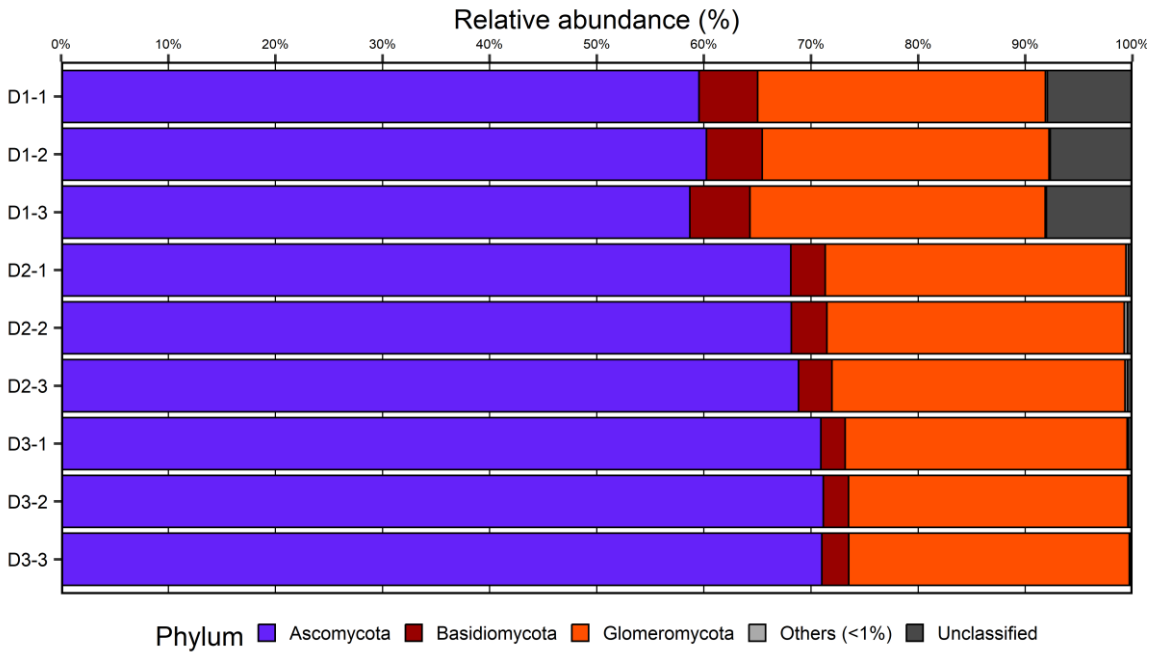
obtida nenhuma informação sobre outros eucariotos, não foi possível comparar com a quantidade identificada pelo *UNITE* com o pipeline *SquezeMeta*.

Tabela 13 – Filos de fungos identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa

Filos	D1		D2		D3	
	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)
Ascomycota	8.715	59,49	8.259	68,37	8.194	71,03
Glomeromycota	3.961	27,07	3.352	27,73	3.021	26,19
Basidiomycota	796	5,43	389	3,22	274	2,38
Mortierellomycota	11	0,07	12	0,10	7	0,06
Chytridiomycota	8	0,06	15	0,12	0	0,00
Mucoromycota	0	0,00	4	0,03	0	0,00
Unclassified	1.153	7,88	52	0,43	39	0,34

Fonte: Próprio Autor

Figura 24 – Filos de fungos identificados nas amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

O filo *Glomeromycota* é composto por fungos micorrízicos arbusculares, considerados fungos simbióticos associados, principalmente, a plantas vasculares terrestres e brióftas (STÜRMER, KEMMELMEIER, 2020). Apesar de serem simbióticos obrigatórias, os fungos desse filo podem se associar também com cianobactérias, como é o caso da espécie *Geosiphon pyriformis* (SCHUSSLER *et al.*, 1994). Assim, percebe-se que os fungos desse filo estão muito presentes

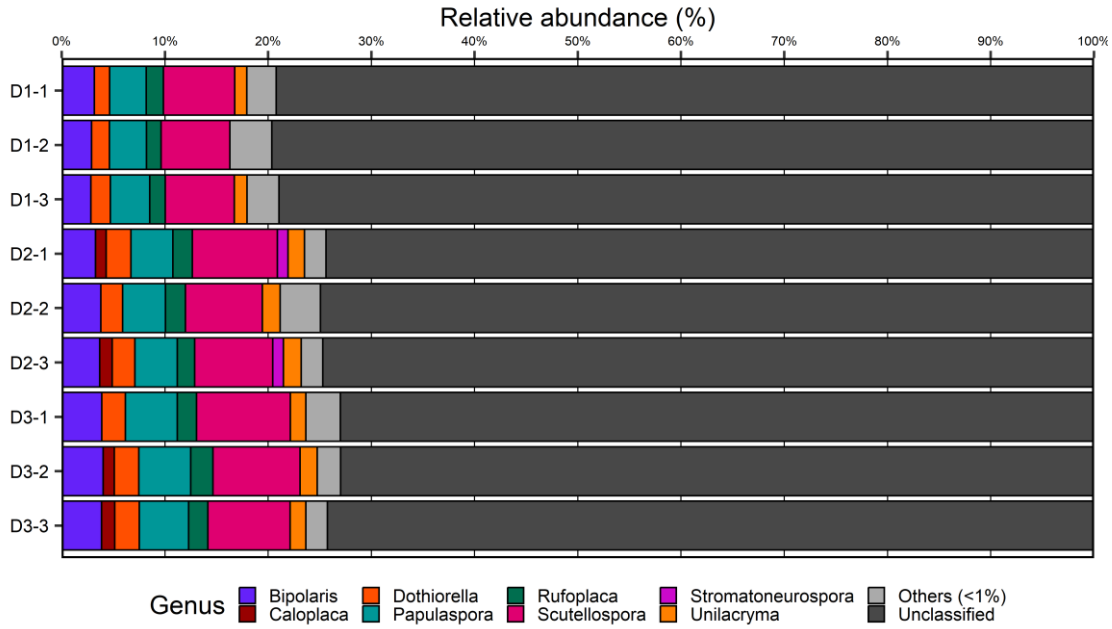
em solo, podendo ter acesso ao painel fotovoltaico através dos ventos, sendo depositadas em sua superfície. Foram identificados cerca de 40 gêneros de fungo em cada uma das amostras, sendo os três principais *Scutellospora*, *Papulaspora* e *Bipolaris* (Tabela 14 e Figura 25).

Tabela 14 – Gêneros de fungos mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 e seus respectivos números de *reads* e abundância relativa

Gêneros de eucariotos	D1		D2		D3	
	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)	Número de *reads*	Abundância relativa (%)
Scutellospora	990	7,11	938	8,02	981	8,79
Papulaspora	534	3,86	495	4,24	570	5,10
Bipolaris	435	3,11	432	3,70	453	4,05
Rufoplaca	225	1,61	222	1,90	227	2,02
Dothiorella	246	1,79	271	2,31	271	2,43
Unilacryma	164	1,18	203	1,74	181	1,61
Caloplaca	132	0,95	129	1,11	128	1,14
Trimmatostroma	75	0,55	45	0,39	48	0,43
Stromatoneurospora	67	0,49	117	1,01	77	0,68
Lithohypha	42	0,30	65	0,55	7	0,07
Sarcinomyces	33	0,24	54	0,46	42	0,38
Chalara	25	0,18	5	0,04	20	0,18
Aplosporella	24	0,17	42	0,36	36	0,32
Rhizophagus	10	0,07	4	0,04	1	0,01
Unclassified	10.852	78,14	8.627	73,82	8.109	72,56

Fonte: Próprio autor.

Figura 25 – Generos de fungos mais abundantes identificados nas amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

É possível perceber que, apesar da classificação de fungos ter melhorado com a utilização do software *SortMeRNA*, ainda existem muitos gêneros não classificados, cerca de 75% das *reads* (Figura 25). Ainda, foi possível perceber que houve divergência entre os gêneros identificados por cada pipeline. Considerando-se que apenas 0,014% das *reads* foi classificada como sendo do reino fungi, a baixa classificação taxonômica pode estar associada a baixa quantidade de reads. Com relação às diferenças nas classificações, além da baixa quantidade de reads, a utilização de banco de dados distintos justificam as diferenças.

A partir da Figura 25 percebe-se uma boa correspondência entre as amostras, demonstrando proximidade dos dados tanto entre as sub-amostras, quanto entre as amostras. O principal gênero identificado foi o *Scutellospora* com cerca de 8% da abundância relativa, seguido pelos gêneros *Papulaspora* e *Bipolaris*, com abundância relativa de cerca de 3%. Já os gêneros *Rufoplaca*, *Dothiorella* e *Unilacryma* foram identificados com cerca de 1% nas amostras e os outros gêneros foram identificados com abundância relativa menor que 1%.

O principal gênero identificado, *Scutellospora* (*Gigasporaceae*) é considerado um fungo micorrízicos arbusculares (FMA), sendo associado a plantas vasculares terrestres. Os FMAs possuem diversas aplicações na agricultura, podendo promover o aumento no crescimento de plantas, protege-las contra patógenos de solo e aumentar a absorção de nutrientes. (OEHL, SOUZA, SIEVERDING, 2008). Anjos *et al.* (2010) estudaram a o efeito de uma espécie do gênero *Scutellospora* contra um verme típico da planta do maracujá, observando um efeito positivo relacionado a presença dessa espécie. De acordo com Wu, Srivastava e Zou (2013), a simbiose dos FMAs traz como vantagem a resistência a estresse biótico, proveniente de organismos vivos, e abiótico, relacionado a fatores externos como temperatura, pH, radiação e deficiência hídrica.

O segundo gênero mais abundante, *Papulaspora*, é considerado um fungo endofítico, ou seja, vivem em simbiose com plantas (PIMENTEL, FIGURA, AUER, 2010). Apesar do gênero ter sido descoberto a bastante tempo, pouco se sabe sobre a filogenia da *Papulaspora*, que permanece incerta (KHAN *et al.*, 2016). Algumas espécies desse gênero são consideradas termofílicas, como por exemplo *Papulaspora thermophila* com temperatura ótima de crescimento em cerca de 45 ºC. Além de termofílica essa espécie é conhecida pela sua atividade celulolítica e aminolítica, podendo ter diversas aplicações interessantes para a biotecnologia (CHAPMAN *et al.*, 1975). Já a espécie *Papulaspora imersa* possui atividade antimicrobiana.

Ramos e colaboradores (2010) realizaram um estudo com diferentes espécies com poder antimicrobiano e determinaram que a *Papulaspora imemersa* trouxe o melhor resultado.

O gênero *Bipolaris (Pleosporaceae)* é composto de fungos considerados fitopatógenos, sapróbios ou endofitos (BHUNJUN *et al.,* 2020). As espécies mais conhecidas são a *Bipolaris maydis*, que é fitopatogênica e gerou perdas catastróficas nas plantações de trigo em 1990, e *Bipolaris oryzae*, que resultou na fome da índia de 1943, devido a doença na plantação de arroz (MANAMGODA *et al.*, 2020).

O gênero *Rufoplaca* (*Teloschistaceae)* é composto por fungos formadores de líquen e foi descoberto por Ulf Arup, Ulrik Søchting e Patrik Frödén (2013). O gênero *Caloplaca* (*Teloschistaceae)* também é um fungo formador de líquen, sendo encontrado, principalmente, em regiões polares (FROLOV *et al.*, 2016). Os líquens são formados a partir de uma relação de simbiose entre um fungo e um organismo fototrófico, tipicamente cianobactérias ou algas (SPRIBILLE *et al.,* 2022). Eles produzem diversos metabólitos primários e secundários que são de interesse biotecnológico, podendo ser aplicados na indústria de cosméticos e de perfumes, na produção de corantes, na indústria farmacêutica, além de ter papel antimicrobianos (MARTINS, 2013). De acordo com Gadd (2017) a cobertura do líquen oferece bioproteção, sendo considera considerados resistentes a radiação, e capazes de sobreviver em ambientes extremos.

O gênero *Dothiorella (Botryosphaeriaceae)* é composto de espécies consideradas patógenos, endófitos e sapróbios de diversas plantas lenhosas (DISSANAYAKE *et al.,* 2016). Já o gênero *Unilacryma* é pertencente a família *Unilacrymaceae*, representando seu único gênero, com apenas duas espécies descobertas. Assim como os outros fungos identificados neste estudo, o Unilacryma também é considerado saprófito, se alimentando de matéria orgânica (SHIROUZU *et al.*, 2013).

O gênero *Trimmatostroma* (*Mollisiaceae*) também é considerado sapróbio, tendo diversas espécies sendo considerado um gênero muito heterogêneo e diverso (DIEDERICH *et al.*, 2010). Possui várias espécies formadoras de líquen, assim como outros gêneros citados neste trabalho (DIEDERICH *et al.*, 2010), além de espécies halofilicos, encontradas em águas hipersalinas, e colônias de pigmentação preta (GUNDES-CIMERMAN *et al.*, 2000).

Assim, é possível perceber que vários fungos identificados nesse trabalho são encontrados próximo a plantas e, consequentemente, podem estar presentes no solo, tendo acesso a

superfície do painel pela ação dos ventos. Os gêneros identificados neste trabalho não foram descritos nas superfícies de painéis fotovoltaicos estudados na Califórnia (PORCAR *et al.*, 2018), Ártico e Antartica (TANNER *et al.*, 2018), e em Valência (DORADO-MORALES *et al.*, 2016), onde foram encontrados, principalmente, gêneros como *Alternaria*, *Aspergillus*, *Phaeosphaeria* e *Penicillium*.

5.2 Análises funcionais

De forma semelhante às análises taxonômicas, as replicatas técnicas obtiveram resultados muito próximos, sendo apresentadas as médias entre as sub-amostras D1, D2 e D3. Vale ressaltar que a abundância dos genes foi estimada pelo número de *reads* e transcriptoma por milhão (TPM), ou seja, genes de cada função por milhão de genes em todo o metagenoma.

5.2.1. Banco de dados KEGG

Nas análises feitas utilizando o banco de dados KEGG, foram identificados em média 11805 genes em D1, 11328 genes em D2 e 10685 em D3. Cerca de 35% dos resultados contra o banco de dados KEGG foram considerados não classificados, ou seja, apenas 65% das ORFs foram classificadas. Na amostra D1 os genes mais abundantes foram cheB/cheR (K13924) e o gene que codifica a proteína receptora da membrana externa do complexo de ferro (K02014). Já em D2 e D3 o gene que codifica a proteína receptora da membrana externa do complexo de ferro (K02014) foi o mais abundante (Tabela 15 e Figura 26).

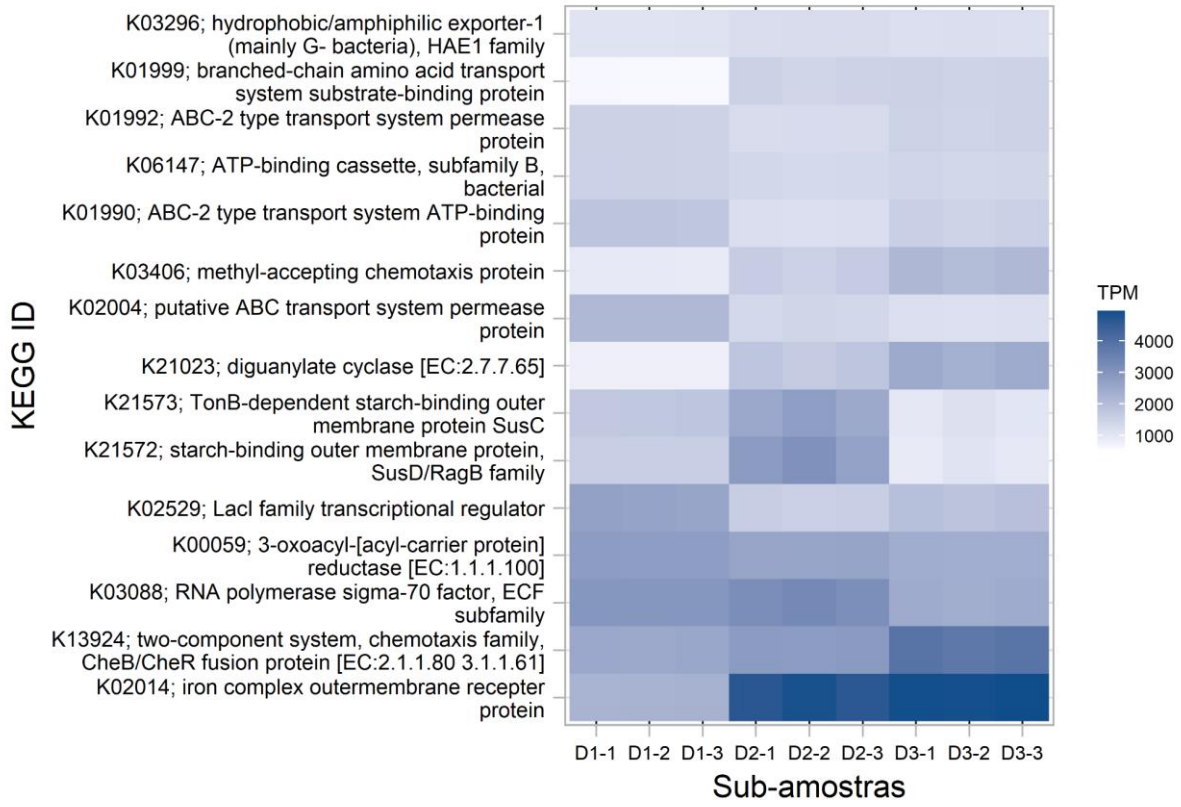
Tabela 15 – Genes mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 utilizando o banco de dados KEGG

Código KEGG	Nome da função	D1		D2		D3	
		Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM
Unclassified	-	35.480.013	429.524,5	29.378.701	430.329,5	29.353.899	407.555,6
K02014	iron complex outermembrane recepter protein	408.674	2.257,2	719.977	4.740,4	755.328	4.932,3
K13924	two-component system, chemotaxis family, CheB/CheR fusion protein [EC:2.1.1.80 3.1.1.61]	503.251	2.530,9	486.970	2.860,3	657.082	3.853,1
K03088	RNA polymerase sigma-70 factor, ECF subfamily	244.505	2.977,4	244.375	3.225,1	185.316	2.425,4
K00059	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase [EC:1.1.1.100]	253.655	2.820,7	208.370	2.605,7	195.453	2.385,8
K02529	LacI family transcriptional regulator	291.948	2.647,8	162.812	1.580,7	196.899	1.908,5

Código KEGG	Nome da função	D1		D2		D3	
		Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM
K21572	starch-binding outer membrane protein, SusD/RagB family	229.817	1.589,2	445.176	2.873,8	144.013	992,7
K21573	TonB-dependent starch-binding outer membrane protein SusC	362.143	1.756,8	582.264	2.605,8	219.154	1.062,7
K21023	diguanylate cyclase [EC:2.7.7.65]	157.321	802,3	291.193	1.749,4	396.345	2.409,1
K02004	putative ABC transport system permease protein	321.198	2.105,3	191.221	1.381,7	156.169	1.176,6
K03406	methyl-accepting chemotaxis protein	137.945	930,1	204.220	1.600,8	260.359	2.086,1
K01999	branched-chain amino acid transport system substrate-binding protein	70.325	1.792,3	145.243	1.192,7	144.369	1.522,9
K06147	ATP-binding cassette, subfamily B, bacterial	213.760	1.502,9	171.806	1.351,6	173.227	1.401,7
K41992	ABC-2 type transport system permease protein	173.750	1.498,4	135.546	1.263,3	159.376	1.466,8
K01999	branched-chain amino acid transport system substrate-binding protein	70.325	604,7	145.243	1.469,4	144.369	1.486,0
K03296	hydrophobic/amphiphilic exporter-1 (mainly G-bacteria), HAE1 family	191.321	1.086,5	180.482	1.244,7	169.540	1.182,9

Fonte: Próprio autor.

Figura 26 – *Heatmap* baseado no perfil funcional das amostras avaliadas neste estudo utilizando o banco de dados KEGG e os 15 genes mais abundantes



Fonte: Próprio autor

As diferenças funcionais entre as amostras biológicas podem estar relacionadas ao perfil taxonômico discutido no item anterior, visto que a representação dos gêneros nas amostras D1, D2 e D3 apresentaram diferenças entre as amostras biológicas. Por exemplo, a proteína relacionada ao transporte de ferro (K02014) foi identificada em maior abundância em D2 e D3, sendo que os principais responsáveis por esse sinal foram *Pedobacter* e *Massilia*, gêneros identificados em grande abundância nas amostras D2 e D3, respectivamente. O gênero *Massilia* também foi o principal responsável pelo sinal do segundo gene mais abundante (cheB/cheR), o que explica a maior abundância desses genes em D3, quando comparado a D1 e D2 (Figura 26). Os gêneros *Microbacterium* e *Cellulomonas*, abundantes nas amostras D1 e D3, respectivamente, são os principais responsáveis pelo sinal do gene LacI/GalR.

O gene mucR, relacionado a formação de biofilme, foi mais abundante em D2 e D3 quando comparado a D1 (Figura 26), sendo que a presença do gênero *Massilia*, *Noviherbaspirillum* e *Sphingomonas* foram os principais responsáveis pelo sinal dessa função, sendo identificados de forma mais abundante em D2 e D3. Assim, percebe-se a existência de uma correlação entre o

perfil funcional e o perfil taxonômico das amostras, visto que os dois perfis foram diferentes entre as amostras biológicas e semelhantes entre as replicatas técnicas.

A proteína receptora da membrana externa do complexo de ferro (K02014) está relacionada ao transporte do ferro da parte externa da membrana plasmática para o citoplasma. O ferro é essencial para a maioria dos microrganismos, sendo um micronutriente que participa de vários processos microbiológicos. Porém, para que o ferro seja assimilado pelo organismo é necessária a presença de receptores específicos (sideróforos), responsáveis pelo seu transporte para dentro do periplasma, sendo essa a função da proteína receptora de membrana externa do complexo de ferro (KREWULAK, VOGEL, 2008).

O ferro é considerado um nutriente essencial para o crescimento bacteriano, participando da síntese de nucleotídeos, reações redox, produção de energia e regulação da expressão gênica. Porém, esse metal normalmente forma complexos com proteínas para sua estabilização, estando pouco disponível no ambiente. Para sequestrar esse metal, as bactérias utilizam sideróforos, compostos com alta afinidade para quelar o ferro, garantindo os processos biológicos que o utilizam (KANG, KIRIENKO, 2018, LIN *et al.* 2012). Existem diversos estudos sobre a relação entre o ferro e a formação do biofilme, sendo que em algumas espécies bacterianas foi observada a indução da sua produção, enquanto em outras, inibição. Assim, o mecanismo de ação e motivo pelo qual o ferro afeta a formação do biofilme é diversificado e, na maioria dos casos, incompreendido (OLIVEIRA *et al.*, 2021, WU, OUTTEN, 2009).

Oliveira e colaboradores (2021) afirmam que a interrupção da biossíntese de sideróforos ou de transportadores de ferro é altamente prejudicial para a formação de biofilme, prejudicando a sobrevivência bacteriana e aumentando a susceptibilidade à oxidação, demonstrando a importância do ferro para a formação do biofilme. Ojha e Hatfull (2007) estudaram o comportamento do biofilme com o intuito de tratar doenças infecciosas que ocorrem pela formação de biofilmes, constatando que o ferro está relacionado à presença do biofilme, podendo ser importante na sua estabilização. Lin e colaboradores (2012) estudaram a relação entre a formação de biofilme e a presença de ferro em *Staphylococcus aureus*, constatando que a quelação desse metal pode restaurar a formação de biofilme. Banin, Brady e Greenberg (2006) estudaram a formação de biofilme pela bactéria *Mycobacterium smegmatis* e constataram que a remoção de suplementação de ferro afeta o crescimento do biofilme, mas não tem efeito sobre o crescimento planctônico dessa bactéria. Porem, de acordo com Hundré e colaboradores (2006), a suplementação de ferro em elevadas concentrações foi prejudicial para a formação de

biofilme na espécie *Legionella pneumophila*. Vale ressaltar que Kang e Kirienko (2018) afirmam que o biofilme tem a capacidade de armazenar ferro, e que, altas concentrações deste composto podem se tornar prejudicial às espécies presentes no meio, devido a produção de substâncias reativas.

Os genes cheB e cheR (K13924) e o gene que codifica a proteína de quimiotaxia e aceitação de metil (MCP *Methyl-accepting Chemotaxis Protein*) (K03406) estão envolvidos em quimiotaxia, o processo de locomoção da bactéria orientada pela presença de substâncias químicas, o que leva a entender uma melhor adaptação desse organismo. Os sistemas de sinal de dois componentes são orientados por proteínas que são sensíveis a estímulos específicos, gerando respostas a mudanças ambientais externas. Esse sistema, normalmente, é composto de uma histidina quinase, responsável pela percepção do sinal externo e uma proteína reguladora de resposta (BUSCHIAZZO, TRAJTENBERG, 2019). No caso das proteínas da família da quimiotaxia, o estímulo se dá pela presença de substâncias benéficas (nutrientes) ou substâncias tóxicas, assim, ao detectar nutrientes a bactéria é capaz de mover-se em sua direção, mas, caso detecte presença de substâncias tóxicas, a bactéria se moverá em direção oposta (DERR, BORDER, GOULIAN, 2006, SKERKER *et al.*, 2005).

Portanto, as proteínas são capazes de responder a mudanças na concentração de substâncias químicas do ambiente e facilitam a adaptação através da variação do nível de metilação (HANLON, ORDAL, 1994). Os genes CheB e CheR estão relacionados a adição e remoção de grupos metil a proteína de quimiotaxia aceptora de metil (MCP), agindo em conjunto para permitir que a célula se adapte ao seu nível atual de estimulação. Enquanto a MCP é responsável pela detecção dessas substâncias e resposta à orientação do organismo (DERR, BORDER, GOULIAN, 2006, MILLER, RUSSEL, ALEXANDRE, 2009).

De acordo com Corral-Lugo *et al.* (2016), os mecanismos regulatórios de dois componentes e de quimiotaxia estão relacionados a diversas funções bacterianas, não apenas de motilidade. Os autores afirmam que esses genes estão relacionados com a formação e regulação de biofilme respondendo a estímulos ambientais. É possível perceber que, na amostra D1, foi identificada menor abundância do gene CheB/CheR (K13924) quando comparada a D2, sendo que na amostra D3 ocorreu a maior abundância. O mesmo acontece para o gene que codifica a proteína MCP (K03406), o que já era esperado, visto que esses genes estão relacionados a um mesmo processo.

O gene rpoE (K03088) está relacionado aos fatores sigma, responsáveis pela promoção da ligação da RNA polimerase com locais de iniciação específicos para o processo de transcrição. A subfamília da função extracitoplasmática sigma-E (EFC) é responsável pelo controle da resposta ao estresse do envelope, choque térmico e estresse oxidativo, assim é considerado um fator sigma alternativo, ativado pela presença de estresse extracitoplasmáticos (HELMANN, 2002, RAINA, MISSIAKAS, GEORGOPOULOS, 1995).

Os genes fabG/OAR1 (K00059) estão relacionados a enzima 3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] redutase, da família da oxiredutase, que participa da biossíntese de ácidos graxos. O gene fabG catalisa a primeira etapa da reação de alongamento da biossíntese de ácidos graxos, enquanto que o gene OAR1 está envolvido na biossíntese de ácidos graxos na mitocôndria (LAI, CRONAN, 2004, GUO *et al.*, 2019).

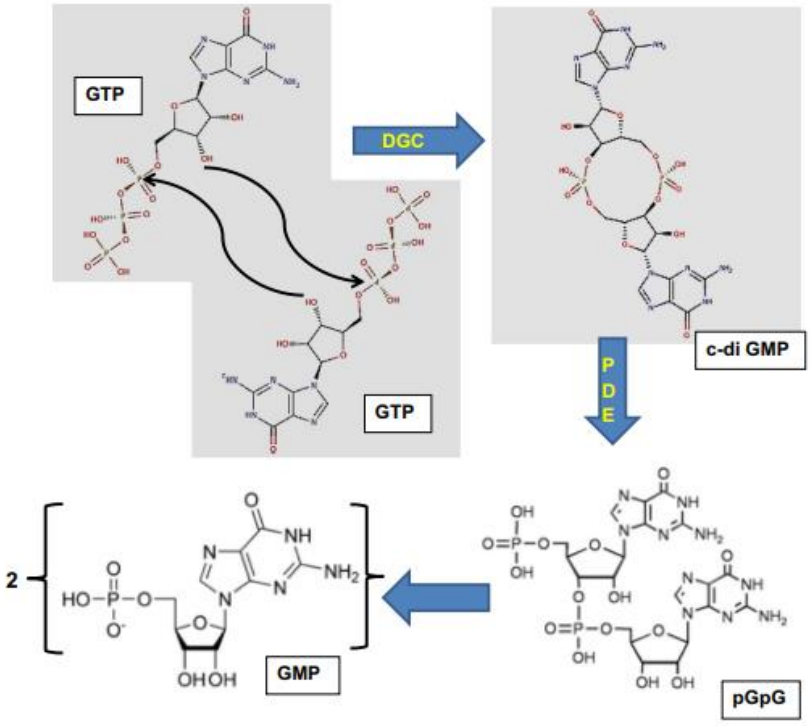
Os genes LacI/GalR (K02529), pertencentes à família de reguladores transcricionais, estão relacionados a reguladores de utilização de substâncias como fonte de energia. Os reguladores transcricionais são responsáveis por regular o processo de transcrição, ou seja, a conversão do DNA em mRNA. A maioria dos reguladores transcricionais da família LacI são responsáveis pela detecção e regulação de genes de utilização de carboidratos, atuando como proteínas repressoras de genes envolvidos no metabolismo dos carboidratos, como galactose (GalR) ou lactose (LacI) (BRINKROLF *et al.* 2008, RAVCHEEV *et al.*, 2014). De acordo com Brinkrolf *et al.* (2008), as proteínas da família LacI/GalR podem explicar a variabilidade na utilização de diferentes fontes de carbono e energia. A repressão dessa via está de acordo com o ambiente do painel fotovoltaico, visto que o metabolismo de carboidratos não é necessário na ausência deste composto, sendo necessário outras fontes de energia para os microrganismos.

Os genes susD (K21572) e susC (K21573) estão envolvidos no transporte de amido para o interior da célula. As proteínas sus têm como objetivo capturar e degradar o amido na superfície da célula e transportar os oligossacarídeos resultantes para o periplasma, para posterior degradação, sendo que os genes susD e susC interagem de forma física para permear este transporte. O SusD é o gene codificante da proteína de membrana externa que faz a ligação do amido, e o susC é responsável pelo transporte dos oligossacarídeos. Assim, após transporte para o periplasma, o amido pode ser degradado e utilizado como fonte de energia (CERQUEIRA *et al.*, 2020, CHO, SALYERS, 2001, KOROPATKIN *et al.*, 2008).

Os transportadores tonB (TonB-dependent transporters) são proteínas bacterianas de membrana externa responsáveis pelo transporte de sideróforos, carboidratos, vitaminas B12, entre outros (NOINAJ *et al.*, 2011).

O gene mucR (K21023) codifica a proteína diguanilato ciclase (DGC) que está envolvida na formação e persistência de biofilme bacteriano. Hay, Remminghorst e Rehm (2009) estudaram esse gene em *Pseudomonas aeruginosa* constatando que está relacionado à síntese ou regulação de alginato, substância exopolimérica envolvida na formação inicial do biofilme e estabilidade mecânica de biofilmes maduros, além de ser responsável pela aparência mucóide do biofilme (FLEMMING, WINGENDER, 2010). De acordo com Martín *et al.* (2000) o mucR é um gene relacionado à regulação da síntese de exopolissacarídeos. A enzima DGC tem um papel na regulação do biofilme através da síntese do mensageiro secundário 3',5'-monofosfato de diguanosina cíclico [c-di-GMP] (Figura 27), que está envolvido na formação de biofilme, supressão da motilidade e produção de componentes adesivos da matriz extracelular. A formação de biofilme é controlada não apenas pela concentração de c-di-GMP, que é o principal regulador da produção de exopolissacarídeos, mas, também, pela atividade de DGC (RÖMLING, BALDALOBRE, 2012, WHITELEY, LEE, 2015).

Figura 27 – Representação da reação de produção de c-di-GMP pela ação das enzimas DGC



Fonte: WHITELEY, LEE 2015

Os transportadores *ATP-binding cassete* (ABC) (K02004, K01990, K01992 e K06147) pertencem à família de genes mais antiga da Terra, estando presente desde procariotos até humanos. Eles são responsáveis pelo transporte de diversos substratos através das membranas celulares, utilizando energia de ligação e hidrólise de ATP. Apesar de serem conhecidos por participar de processos biológicos ligados à transporte, eles também participam de inúmeros outros processos, como, reparo de DNA e resistência a antibióticos. Além disso, transportadores ABC de vários tipos já foram relatados em organismos produtores de agentes antitumorais, inibidores de síntese proteica, imunossupressores entre outros (CURRY *et al.*, 2005, DAVIDSON *et al.*, 2008, MÉNDEZ, SALAS, 2001).

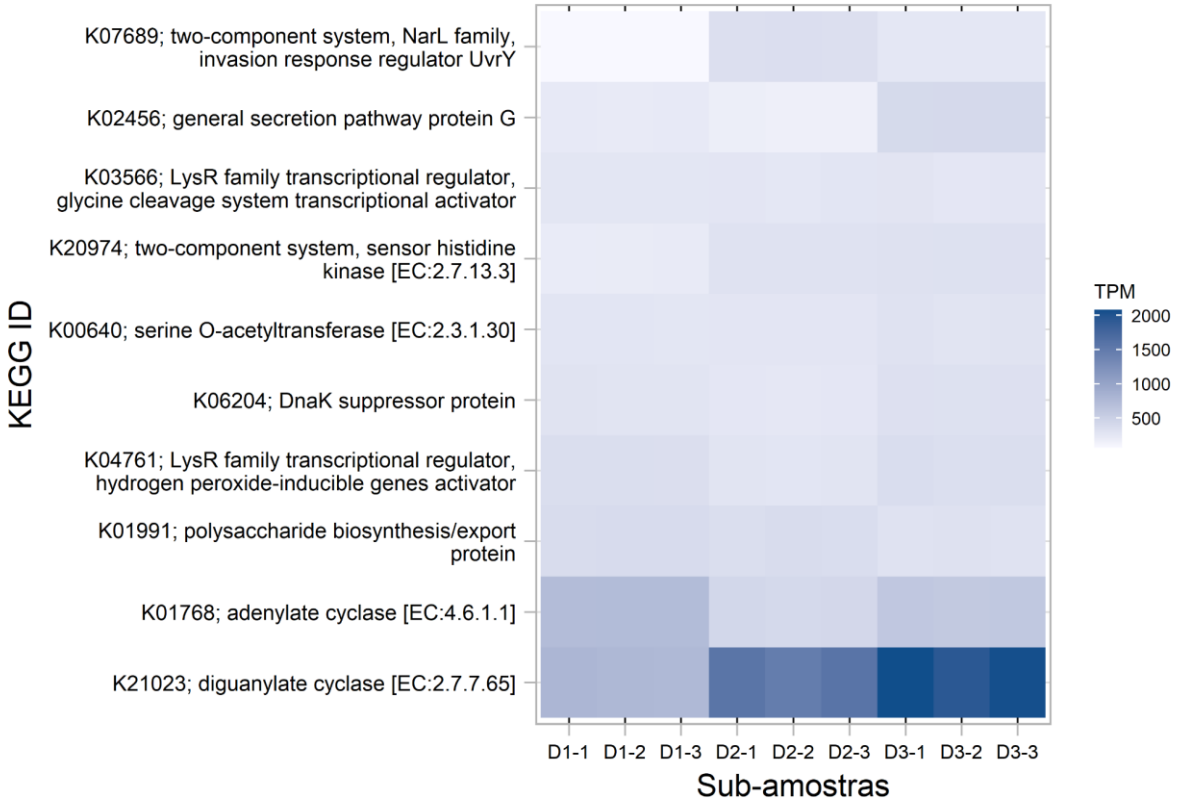
O gene LivK (K01999) também está relacionado ao sistema de transporte ABC, porém de forma mais específica. Esse gene é responsável por codificar a proteína de transporte de aminoácidos de cadeia ramificada. De acordo com Moura *et al.* (2021), funções ligadas ao transporte e metabolismo de aminoácidos, incluindo transportadores ABC, podem exercer função como sequestradores de substâncias reativas de oxigênio, podendo desempenhar um papel na resistência à radiação.

Além disso, o gene LivK está relacionado a via metabólica do *quorum sensing* (QS), um mecanismo de comunicação entre as células responsável pela regulação do gene bacteriano em resposta a densidade da população celular, sendo realizada através da secreção e detecção de sinalizadores extracelulares, chamados de autoindutores. O QS controla diversas funções fisiológicas, dentre elas a formação de biofilme, onde, a partir do aumento da população microbiana, os autoindutores são liberados até atingir um limiar mínimo, a partir disso ocorre ativação da expressão de genes associados a formação de biofilme (SOLANO, ECHEVERZ, LASA, 2014, ZHOU *et al.*, 2020). De acordo com Li *et al.* (2022) os sistemas de transporte relacionados ao QS desempenham papéis críticos na sobrevivência e crescimento de bactérias associadas a condições de estresse oxidativo, radiação UV, salinidade, baixa disponibilidade de nutrientes entre outras condições extremas.

O gene que codifica o exportador hidrofóbico/anfifílico (K03296) está relacionado a uma superfamília chamada *resistence-nodulation-division transporters* (transportadores RND), proteínas de membranas envolvidas no transporte de medicamentos, íons metálicos, entre outros. A família HAE1 é responsável pelo transporte de substâncias hidrofóbicas e anfifílicas (NIKAIDO, 2018, MORALEDA-MUÑOZ, 2010).

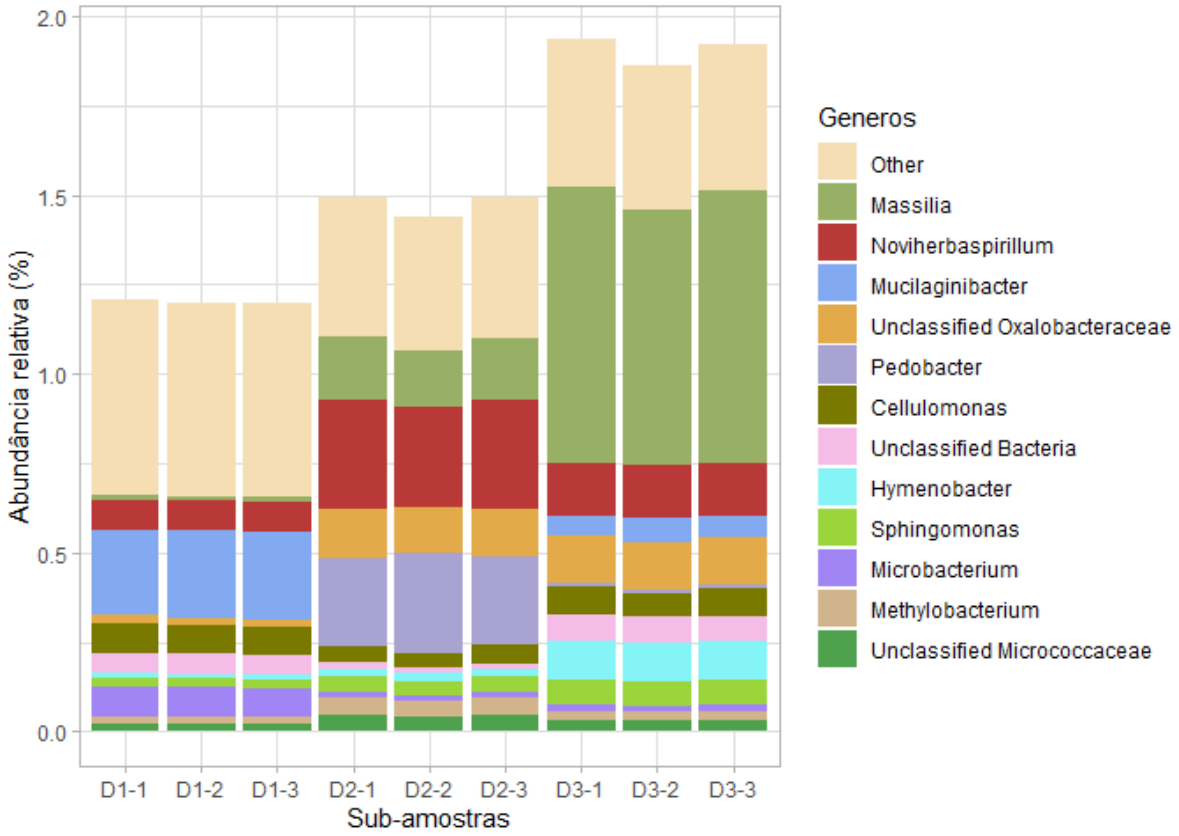
A partir de uma pesquisa nos dados funcionais gerados pelo *SqueezeMeta* utilizando a palavra-chave "*biofilm*" foi possível gerar um *heatmap* com as principais funções associadas à formação de biofilme (Figura 28), bem como os principais microrganismos associados a essas funções (Figura 29) nas subamostras de D1, D2 e D3.

Figura 28 – *Heatmap* baseado nas 10 principais funções relacionadas à formação de biofilme nas amostras avaliadas neste estudo



Fonte: Próprio autor

Figura 29 – Principais microrganismos associados ás funções de formação de biofilme utilizando o termo “biofilm” nos resultados gerados pelo *SqueezeMeta*



Fonte: Próprio autor

A função relacionada a enzima diguanilato ciclase foi a mais abundante, principalmente nas amostras D2 e D3. A segunda função mais abundante está relacionada a enzima adenilato ciclase, identificada, principalmente, nas amostras D1 e D2. Os outro genes foram identificados em abundâncias semelhantes nas amostras (Figura 28). Porém, é possível perceber que as funções associadas à formação do biofilme são predominantes na amostra D2 e D3 quando comparado a D1, podendo-se inferir que essas amostras provavelmente têm maior produção e concentração de biofilme.

As sub-amostras de D3 são mais representativas no que diz respeito à genes relacionados à formação de biofilme, sendo que muitos gêneros presentes nessa amostra estão associados a estas funções (Figura 29). O gênero *Massilia* foi identificado em maior abundância na amostra D3, e como discutido previamente, esse gênero está adaptado para sobrevivência em ambientes extremos, sendo que muitas espécies são consideradas psicotróficas. A abundância dos gêneros *Massilia* e *Pedobacter* na amostra D2 também constitui uma boa evidência da origem das

funções relacionadas à formação de biofilme. O gênero pedobacter, como discutido anteriormente, está relacionado à sobrevivência em ambientes com grandes quantidades de radiação e dessecação, utilizando a produção de EPS e a presença de carotenóides como mecanismo de defesa à essas condições. Por fim, as funções relacionadas à formação de biofilme na amostra D1 podem ser associadas principalmente à presença do *Mucilaginibacter*, que, como discutido anteriormente, é conhecido por produzir grandes quantidades de EPS, e outros gêneros.

A função relacionada com a enzima adenilato ciclase (K01768), assim como a diguanilato ciclase, também tem papel na regulação da formação do biofilme. A proteína adenilato ciclase é responsável pela síntese do c-di-adenosina monofosfato (ci-di-AMP), substância que desempenha um papel na resistência a estresse, virulência e formação de biofilme. Assim como a c-di-GMP, a c-di-AMP também é considerada um segundo mensageiro, mas, ao contrário de outras moléculas desse tipo, o c-di-AMP também regula funções celulares básicas, como manutenção da parede celular, homeostase de potássio, reparo de danos no DNA, resistência a ácidos, entre outros, sendo essencial para a sobrevivência de diversas espécies (RÖMLING, BALSALOBRE, 2012 e FAHMI, PORT, CHO, 2017). A amostra D1 apresentou a maior abundância desse gene, seguido da amostra D3 e D2. De acordo com Fahmi, Port e Cho (2017), os compostos c-di-GMP e c-di-AMP normalmente não coexistem em um mesmo microrganismo, podendo ser uma possível explicação para a diferença entre as abundâncias de diguanilato ciclase e adenilato ciclase nas amostras.

A proteína de exportação/biossíntese de polissacarídeos (K01991) está envolvida no processo de transporte de polissacarídeos (EPS) do meio para o exterior da célula. Mais especificamente, o gene wza é responsável pelo transporte do ácido colânico, considerado um polissacarídeo extracelular (STEVENSON *et al.*, 1996).

Os genes oxyR (K04761) e gcvA (K03566) são reguladores transcricionais da família LysR. O oxyR é ativado pelo estresse oxidativo, e participa da via metabólica de formação de biofilme em *E. coli*. A partir da sinalização ambiental de estresse oxidativo, mais especificamente pela presença de peróxido de hidrogênio, o gene oxyR é ativado. Ele também tem papel regulador na produção de proteínas de superfície que afetam a capacidade de auto-agregação da colônia, bem como sua morfologia (ZHENG, ASLUND, STORZ, 1998). Já o gene gcvA é responsável por ativar o sistema de clivagem oxidativa do aminoácido glicina, e seus produtos são utilizados na biossíntese de purinas, metionina, timina e outros componentes celulares (WILSON,

STAUFFER, 1994). O banco de dados KEGG mostra que o gene gcvA está relacionado à formação de biofilme em *E. coli*, através de seu papel conjunto ao gene csgD, um regulador da formação de biofilme (BROMBACHER *et al.*, 2006). De acordo com Li *et al.* (2022) os reguladores transcricionais da família LysR regulam diversos genes envolvidos na motilidade, QS, metabolismo, entre outros.

O gene dskA codifica a proteína supressora dnaK (K06204), que é considerada um fator de transcrição de ligação a RNA polimerase em resposta às condições de estresse. A proteína dskA atua no controle de diversos processos biológicos, como biossíntese de aminoácidos, tradução, reparo de DNA, divisão celular e resposta ao estresse oxidativo e, portanto, intimamente ligada à formação de biofilme (KIM *et al.*, 2021).

O gene cysE codifica a proteína serina acetiltransferase (K00640), responsável por uma das etapas de produção da cisteína. De acordo com Sturgill *et al.* (2004), a enzima serina acetiltransferase da *E. coli* pode ter um papel fisiológico na regulação do biofilme. Ainda, foi constatado que o cysE pode trabalhar de duas formas, uma para a produção de sinal extracelular e formação de biofilme, e outra para limitar o desenvolvimento do mesmo, apontando um papel regulador para essa enzima.

A proteína histidina quinase (K20974) faz parte do sistema de dois componentes, já mencionado. Esse sistema é composto pela enzima histidina quinase integrada à membrana e pela proteína reguladora de resposta. O principal papel da histidina quinase é a percepção do estímulo, ou seja, ela é a responsável por perceber alteração externa, sendo essencial para a sobrevivência das bactérias, principalmente em condições extremas (BUSCHIAZZO, TRAJTENBERG, 2019, JUNG *et al.*, 2012).

O gene gspG (K02456) está associado ao sistema de secreção tipo II, necessário para a secreção de fatores extracelulares. Esse sistema é composto por cerca de 15 proteínas diferentes, sendo gspG uma delas, com papel no transporte de substâncias através da membrana externa, até o meio extracelular. Essas substâncias têm papel importante na adesão, formação de biofilme, aquisição de nutrientes, entre outros (NASKAR *et al.*, 2020).

Os genes uvrY/gacA/varA (K07689) também estão relacionados ao sistema de dois componentes, participando da via metabólica de formação de biofilme em *P. aeruginosa, E. coli* e *V. cholerae*. Estudos realizados por Mitra e colaboradores (2013) em *E. coli* CFT073 mostraram que o uvrY participa e facilita a formação de biofilme, persistência e virulência.

Realizando uma análise mais geral no perfil funcional dos microrganismos e considerando os 500 genes mais abundantes nas amostras, diversos genes interessantes foram identicados. Por exemplo, alguns genes estão associados à biossíntese de carotenóides, compostos que ajudam na resistência a radiação solar e produção de metabólitos secundários, como o gene crtI (K10027) com cerca de 270 tpm em D1, 215 tpm em D2 e D3. Outros estão relacionados a resposta ao estresse como oxyR (K04761), gcvA (K03566) e dnaK (K06204), choque térmico e estresse oxidativo, como dnaJ (K03686) com cerca de 420 tpm e gênes da família HSP20 (K13993), com cerca de 410 tpm em D2 e 300 tpm em D1 e D3 e reparação de DNA, como o mutT (K03574) com cerca de 1130 tpm em D1, 820 tpm em D2 e 600 tpm em D3.

Assim, pode-se afirmar que os perfis funcionais das amostras coletadas no painel fotovoltaico estão condizentes com o ambiente de alta radiação UV, baixa disponibilidade de nutrientes, calor extremo, elevadas mudanças de temperatura, estresse oxidativo, entre outras condições extremas. Foram identificados diversos genes associados à formação do biofilme, síntese de carotenóides, redução da motilidade, tolerância ao estresse oxidativo e salino, choque térmico, entre outros. Ademais, foi possível relacionar as análises funcionais e taxonômicas, ou seja, os gêneros mais abundantes nas amostras são descritos na literatura como isolados e adaptados a condições extremas.

5.2.2. Banco de dados COG

Nas análises feitas através do banco de dados COG, foram identificados em média 40322 genes na amostra D1, 35372 genes em D2 e 34882 em D3. Cerca de 12% dos resultados foram considerados não classificados, ou seja, cerca de 88% das *ORFs* foram classificadas. Para as três amostras analisadas o gene mais abundante foi o ENOG410XNMH que codifica para a proteína histidina quinase (Tabela 16 e Figura 30).

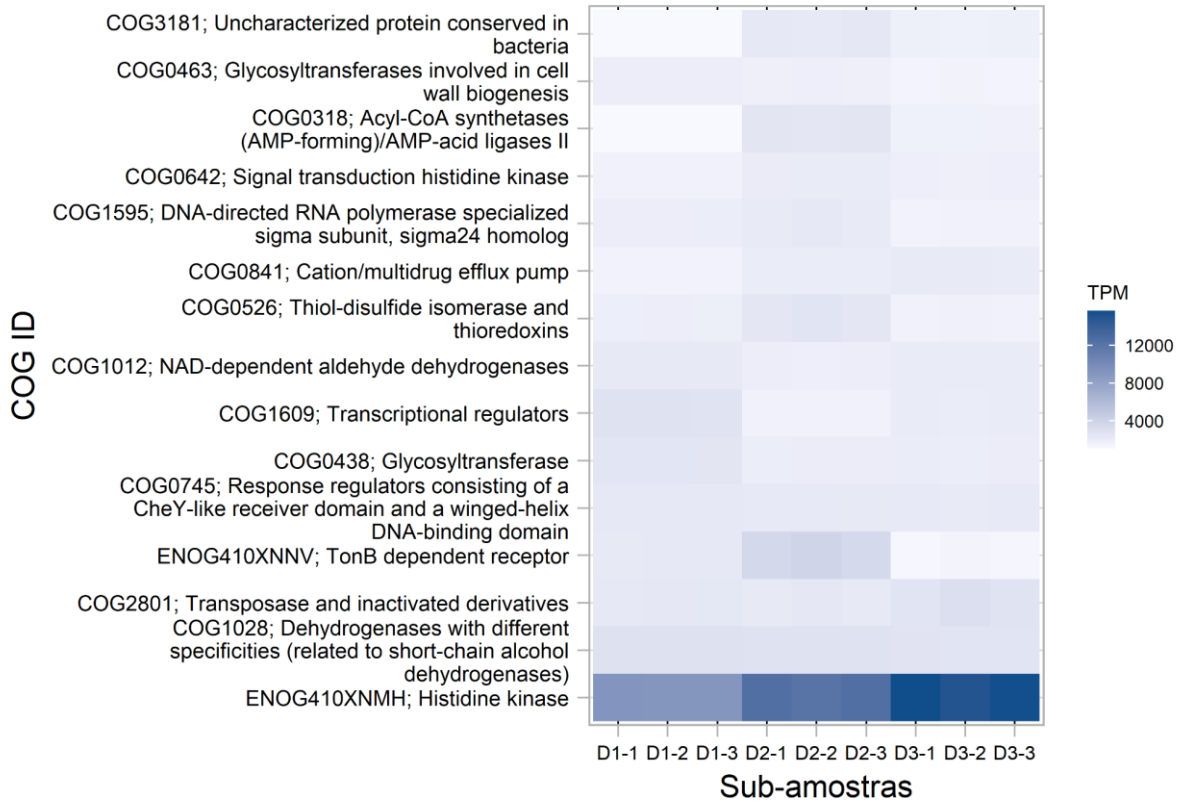
Tabela 16 – Genes mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 utilizando o banco de dados COG

Código COG	**Nome da função**	**D1**		**D2**		**D3**	
		Número de *reads*	**TPM**	**Número de *reads***	**TPM**	**Número de *reads***	**TPM**
Unclassified	-	13.665.856	204.186,8	10.671.968	210.679,2	10.944.158	207.250,6
ENOG410XNMH	Histidine kinase	1.546.471	9.140,6	1.803.649	12.397,3	2.272.246	15.423,3
COG1028	Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)	256.767	2.916,1	218.859	2.827,5	217.804	2.678,6

Código COG	Nome da função	D1		D2		D3	
		Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM
COG2801	Transposase and inactivated derivatives	176.348	2.373,3	154.071	2.318,0	186.177	2.803,8
ENOG410XNNV	TonB dependent receptor	449.312	2.296,4	761.717	3.673,8	262.710	1.313,4
COG0745	Response regulators consisting of a CheY-like receiver domain and a winged-helix DNA-binding domain	188.026	2.298,5	160.531	2.243,4	163.858	2.194,5
COG0438	Glycosyltransferase	322.238	2.568,9	228.930	1.983,0	236.196	1.986,5
COG1609	Transcriptional regulators	301.411	2.817,1	162.244	1.624,3	214.947	2.093,9
COG1012	NAD-dependent aldehyde dehydrogenases	268.873	2.256,3	206.426	1.889,6	231.474	2.106,0
COG0526	Thiol-disulfide isomerase and thioredoxins	141.834	1.884,2	162.722	2.543,6	110.928	1.656,1
COG0841	Cation/multidrug efflux pump	278.246	1.558,8	289.605	2.041,3	304.063	2.160,2
COG1595	DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit, sigma24 homolog	151.134	1.928,3	157.913	2.201,7	116.833	1.594,2
COG0642	Signal transduction histidine kinase	182.396	1.629,9	197.709	2.073,2	174.018	1.824,0
COG0318	Acyl-CoA synthetases (AMP-forming)/AMP-acid ligases II	138.986	1.095,0	283.262	2.518,8	197.834	1.705,8
COG0463	Glycosyltransferases involved in cell wall biogenesis	214.846	1.920,8	179.768	1.792,0	155.306	1.492,7
COG3181	Uncharacterized protein conserved in bacteria	109.005	1.086,8	211.316	2.312,0	166.316	1.781,4

Fonte: Próprio autor.

Figura 30 – *Heatmap* baseado no perfil funcional geral das amostras avaliadas neste estudo utilizando o banco de dados COG. Os 15 genes mais abundantes são apresentados



Fonte: Próprio autor

As funções identificadas pelo banco de dados COG foram, em parte, semelhantes às identificadas pelo KEGG (Quadro 5). Funções relativas a histidina quinase (ENOG410XNMH e COG0642), que tem como principal papel a percepção de estímulos externos, biossíntese de ácidos graxos (COG1028), receptores tonB (ENOG410XNNV), fatores sigma da família EFC (rpoE) (COG1595) e reguladores transcricionais (COG1609) foram também identificados pela análise utilizando o banco de dados KEGG e já foram discutidos anteriormente. O gene cheY (COG0745) está envolvido em quimiotaxia e está relacionado aos genes cheB e cheR, identificados pelo KEGG. O gene da família HAE1 (K03296) está relacionado aos transportadores RND, assim como o gene acrB (COG0841), porém para transporte de diversas drogas (TAM *et al.*, 2021).

Apesar das semelhanças, também foram encontradas algumas diferenças quando os resultados das análises utilizando os dois bancos de dados foram comparados. Por exemplo, o gene que codifica transposases e derivados inativos (COG2801) não foi identificado na análise pelo banco de dados KEGG, sendo um dos 15 mais abundantes nas análises do banco de dados COG.

De acordo com Aziz, Breitbart e Edwards (2010), genes que codificam transposases são considerados os mais prevalentes na natureza. Transposases são enzimas responsáveis pelo movimento de segmentos do DNA, ou genes, para outras regiões do genoma. Essas proteínas promovem mutações e rearranjos que podem estimular a evolução das espécies e a diversificação biológica (RICE, BAKER, 2001). De acordo com Fléchard e Gilot (2014), as transposases e os elementos transponíveis desempenham um papel essencial na adaptação às condições ambientais.

A glicosiltransferase envolvida na biossíntese da parede celular (COG0438) também não foi identificada pelo banco de dados KEGG. As enzimas glicosiltransferases são responsáveis pela transferência de uma molécula de açúcar para uma molécula aceptora, participando da síntese do peptidioglicano da parede celular (MESLEH *et al.*, 2016). Rainey e colaboradores (2019) estudaram a formação de biofilme em *Streptococcus mutans* e constataram que a glicosiltransferase SMU_833 é fundamental para o desenvolvimento do biofilme pela regulação de componentes da matriz extracelular. Nos estudos de Suban e colaboradores (2022) foi constatado que uma glicosiltransferase Ogt de *Synechococcus elongatus* está envolvida na supressão do biofilme.

O gene adhE (COG1012) codifica uma enzima álcool desidrogenase que, em condições anaeróbias, participa da decomposição da glicose. Porém, na presença de oxigênio, essa enzima pode atuar na eliminação de peróxido de hidrogênio, tendo um papel defensivo em ambientes de estresse oxidativo (ECHAVE *et al.*, 2003).

O gene trxA (COG0526) participa de várias reações redox através da oxidação de ditiol. De acordo com Jobin e colaboradores (1999), este gene é induzido por choque térmico e pela presença de peróxido de hidrogênio, estando relacionado a ambientes de estresse oxidativo e de elevadas temperaturas. Ainda, Liu e colaboradores (2022) afirmam que o gene trxA é capaz de melhorar a atividade da enzima superóxido dismutase e reduzir o acúmulo de substância reativas de oxigênio, conhecidas como ROS, mostrando seu papel na tolerância ao estresse oxidativo.

Apesar de alguns genes identificados pelo banco de dados COG e KEGG serem diferentes, a maioria deles apresenta funções relacionadas, como resistência ao estresse oxidativo, ao calor e à radiação, e envolvimento na formação de biofilme. Esses resultados são condizentes no que diz respeito ao ambiente extremo no qual o painel fotovoltaico está instalado.

5.2.3. Banco de dados PFAM

Nas análises feitas utilizando o banco de dados PFAM foram identificados em média 10390 genes em D1, 9522 genes em D2 e 9572 em D3. Cerca de 28% dos resultados contra o banco de dados PFAM foram considerados não classificados, ou seja, apenas 72% das ORFs foram classificadas. Os dois genes mais abundantes nas amostras D1, D2 e D3 estão relacionados a transporte ABC (PF00005) e domínio do receptor do regulador de resposta (PF00072) (Tabela 17 e Figura 31).

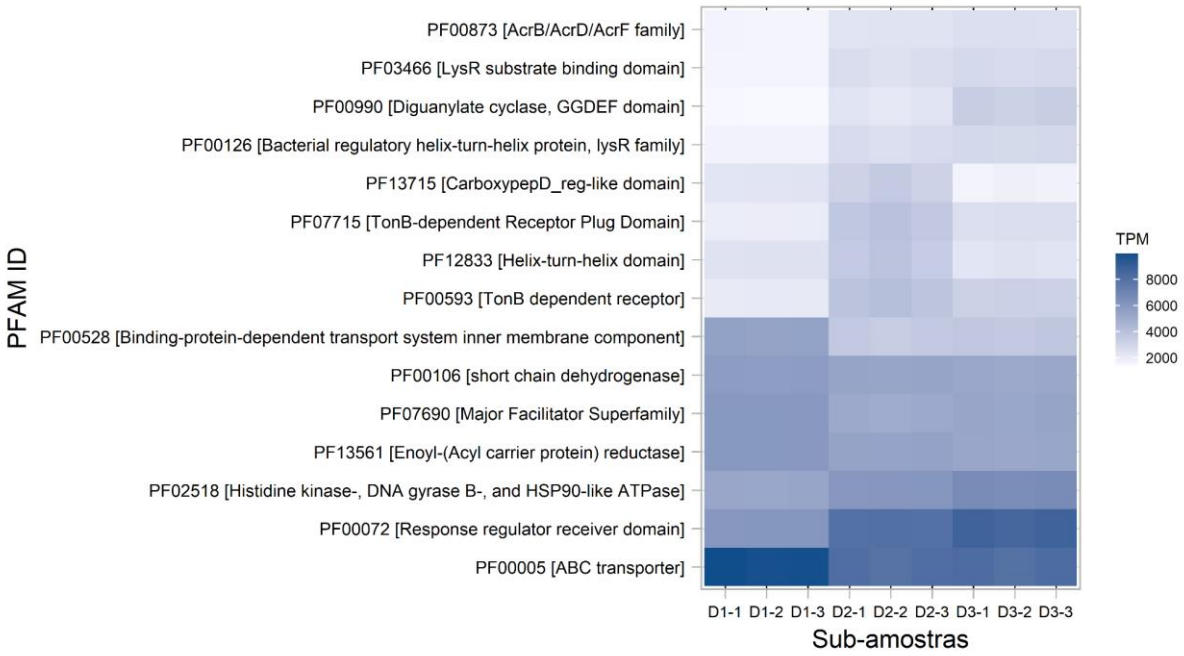
Tabela 17 – Genes mais abundantes identificados nas amostras D1, D2 e D3 utilizando o banco de dados PFAM

Código PFAM	Nome da função	D1		D2		D3	
		Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM
Unclassified	-	28.589.535	364.137,6	24.247.385	373.228,8	24.806.779	367.083,8
PF00005	ABC transporter	1.295.092	9.885,1	947.843	8.093,0	971.429	8.181,0
PF00072	Response regulator receiver domain	491.105	6.059,4	590.874	8.038,9	649.945	8.707,6
PF02518	Histidine kinase-, DNA gyrase B-, and HSP90-like ATPase	698.370	5.307,2	684.928	6.061,0	759.534	6.575,8
PF13561	Enoyl-(Acyl carrier protein) reductase	331.993	5.976,5	269.746	5.469,2	266.966	5.284,6
PF07690	Major Facilitator Superfamily	932.399	5.974,5	719.471	5.102,5	765.745	5.340,5
PF00106	short chain dehydrogenase	330.326	5.786,7	273.769	5.389,3	270.635	5.229,9
PF00528	Binding-protein-dependent transport system inner membrane component	738.273	5.517,7	426.861	3.534,9	452.964	3.675,9
PF00593	TonB dependent receptor	407.162	2.102,3	681.931	3.931,8	576.836	3.254,8
PF12833	Helix-turn-helix domain	218.288	2.470,4	289.966	3.633,6	191.256	2.374,2
PF07715	TonB-dependent Receptor Plug Domain	348.009	1.974,0	596.909	3.780,7	423.073	2.608,6
PF13715	CarboxypepD_reg-like domain	351.159	2.358,2	481.814	3.313,6	253.874	1.748,6
PF00126	Bacterial regulatory helix-turn-helix protein, lysR family	125.364	1.699,9	177.422	2.693,3	195.809	2.895,9
PF00990	Diguanylate cyclase, GGDEF domain	196.838	1.445,1	269.682	2.291,3	404.536	3.339,8
PF03466	LysR substrate binding domain	131.959	1.611,0	193.566	2.620,3	212.953	2.822,6

Código PFAM	Nome da função	D1		D2		D3	
		Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM	Número de *reads*	TPM
PF00873	AcrB/AcrD/AcrF family	338.775	1.630,7	414.427	2.378,6	442.327	2.567,9

Fonte: Próprio autor.

Figura 31 – *Heatmap* baseado no perfil funcional geral das amostras avaliadas neste estudo pelo banco de dados PFAM, apresentando os 15 genes mais abundantes



Fonte: Próprio autor

As funções identificadas pelo banco de dados PFAM mostram perfil funcional semelhante quando comparado aos dois outros bancos de dados utilizados neste trabalho e apresentados anteriormente (Quadro 5). Genes envolvidos na biossíntese de ácidos graxos (PF13561), genes associados a proteínas de ligação de membrana para transporte de substância entre a membrana celular (PF00528), a proteína diguanilato ciclase (PF00990), genes associados a família álcool desidrogenase (família adh) (PF00106), à transportadores ABC (PF00005), receptores tonB (PF00593) e reguladores transcricionais da familia LysR, que regulam diversos genes envolvidos em motilidade, QS, metabolismo, entre outros (PF03466 e PF00126). Além desses, proteínas como histidina quinase (PF02518) também foram identificados em grande abundância utilizando o banco de dados COG, entretanto, no KEGG, genes associados à essa proteína representaram apenas 0,03% das *reads*. Ainda, funções relacionadas ao sistema de dois componentes foram identificadas. Vale lembrar que o sistema de dois componentes é composto de uma histidina quinase, responsável pela percepção do sinal externo e uma proteína

reguladora de resposta (BUSCHIAZZO, TRAJTENBERG, 2019). Através de banco de dados PFAM, não apenas a histidina quinase foi identificada, como também a proteína reguladora de resposta (PF00072).

O gene associado a enzima diguanilato ciclase, foi identificado entre as 15 mais abundantes no banco de dados KEGG (K21023) e PFAM (PF00990). Porém, a função equivalente no banco de dados COG (COG2199) foi identificada com abundância relativa de apenas 0,02%. Outra função discrepante foi o gene da família acrB/acrD/acrF (PF00873) que foi identificado na análise do PFAM, entretanto, usando o banco de dados COG, apenas o gene acrB foi identificado. Porém, eles pertencem à mesma família de genes, e todos estão relacionados a proteínas de membrana ligadas ao transporte de substâncias (Quadro 5).

A função relacionada ao transporte de ferro pela membrana externa foi identificada no banco de dados KEGG (K02014) com abundância relativa de, aproximadamente, 0,4% (D1) e 0,8% (D2 e D3), enquanto que, no banco de dados COG, a função equivalente (COG1629) foi identificada com abundância relativa de, aproximadamente, 0,2% (D1) e 0,3% (D2 e D3). Apesar da diferença entre as abundâncias relativas do banco de dados KEGG e COG, o padrão entre as amostras se mantém, mostrando-se maior para as amostras D2 e D3, quando comparado à D1. Para o banco de dados PFAM, a função PF00528 está relacionada à proteínas de transporte de substâncias entre membranas e teve uma abundância relativa de 0,7% em D1 e 0,5% em D2 e D3. A abundância relativa dessa função foi maior em D1 quando comparado a D2 e D3, diferentemente dos bancos de dados KEGG e COG, porém, como essa função representa um domínio de proteínas relacionadas ao transporte de diversas substâncias, não apenas ferro, não é possível comparar os três bancos de dados. Apesar das diferenças entre as amostras, percebe-se que D2 e D3 se mantém semelhantes para os três bancos de dados (Quadro 5).

Assim, apesar das diferenças identificadas entre os bancos de dados, é possível perceber que o perfil funcional dos três bancos de dados analisados, KEGG, COG e PFAM se relacionam, identificando-se genes equivalentes ou semelhantes, sempre ressaltando na presença de genes ligados às condições de estresse causados pelo ambiente do painel fotovoltaico.

Quadro 5 – Comparação entre as funções identificadas nos bancos de dados KEGG, COG e PFAM

KEG ID	COG ID	PFAM ID	Funcionlidade geral	Observação
K02014	-	-	Transporte de substâncias	Transporte de ferro entre membrana
K03296	COG0841	-		Transporte de drogas e medicamentos
K02456	-	PF00528		Transporte de substâncias no geral
K01999	-	PF00005		Transportadores ABC
K01999	COG0745	-	Quimiotaxia/Quorum Sensing	-
K04761/K03566	-	PF03466 e PF00126		Familia LysR
K20974	ENOG410XNMH/COG0642	PF02518	Sistema de dois componentes	Histidina quinase
-	-	PF00072		Proteína reguladora de resposta
K07689	-	-		-
K21572/K21573	ENOG410XNNV	PF00593	Receptores dependentes de TonB	-
K00059	COG1028	PF13561	Biossíntese de ácidos graxos	-
-	COG1012	PF00106	Relacionados ao estresse	Família alcool desidrogenase
K03088	COG1595	-		Fatores sigma da família EFC
K21023	-	PF00990	-	Diguanilato Ciclase

Fonte: Próprio autor

5.3 Caracterização por espectroscopia Raman

A técnica de espectroscopia Raman foi escolhida para identificar as fases minerais presentes nas amostras devido à baixa quantidade de resíduo, o que inviabilizaria o uso de técnicas como a difratometria de raios X. Vale ressaltar que apenas uma sub-amostra de cada região do painel foi analisada, sendo elas D1-1, D2-1 e D3-1. Os espectros de referência dos mineirais identificados estão apresentados no Anexo I deste documento para fins de comparação.

Foram identificados nas sub-amostras D1-1 mineirais como hematita, goetita, calcita e carbono amorfo. O carbono amorfo foi identificado em cinco dos onze pontos, representando cerca de 45% deles e a calcita foi identificada em três desses pontos (Quadro 6)

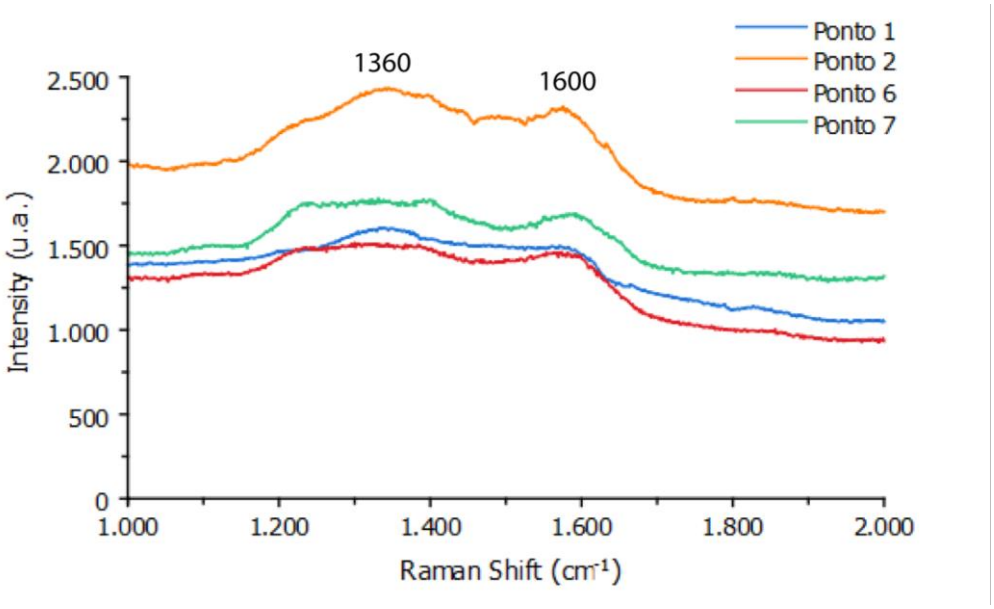
Quadro 6 - Substâncias identificadas pela análise de espectroscopia Raman na sub-amostra D1-1

Ponto	**Substância**	**Fórmula Química**	**Espectro**
1	Carbono amorfo	C	Figura 32
2	Carbono amorfo	C	Figura 32
3	Hematita	Fe_2O_3	Figura 33
4	Goethita + Carbono amorfo	FeO(OH) + C	Figura 34
5	Hematita	Fe_2O_3	Figura 33
6	Carbono amorfo	C	Figura 32
7	Carbono amorfo	C	Figura 32
8	Calcita	$CaCO_3$	Figura 35
9	Muscovita	$KAl_2(AlSi_3O_{10})(OH)$	Figura 36
10	Calcita	$CaCO_3$	Figura 35
11	Calcita	$CaCO_3$	Figura 35

Fonte: Próprio autor

Nos pontos 1, 2, 6 e 7 da sub-amostra D1-1 foi identificado carbono amorfo, também conhecido como carbono não cristalino (Figura 32), cujas bandas em torno de 1360 e 1600 cm^{-1} permitiram sua identificação (DYCHALSKA *et al.*, 2015). O carbono amorfo é uma forma de carbono que não apresenta uma estrutura cristalina ordenada. Em vez disso, é composto por uma rede de átomos de carbono ligados de forma desordenada (FERRARI, ROBERTSON, 2020). O carbono amorfo presente na superfície do painel fotovoltaico pode ser proveniente de fuligem, emissões industriais e dos carros, ônibus e caminhões que passam pela avenida Amazonas, onde estão instalados os módulos fotovoltaicos.

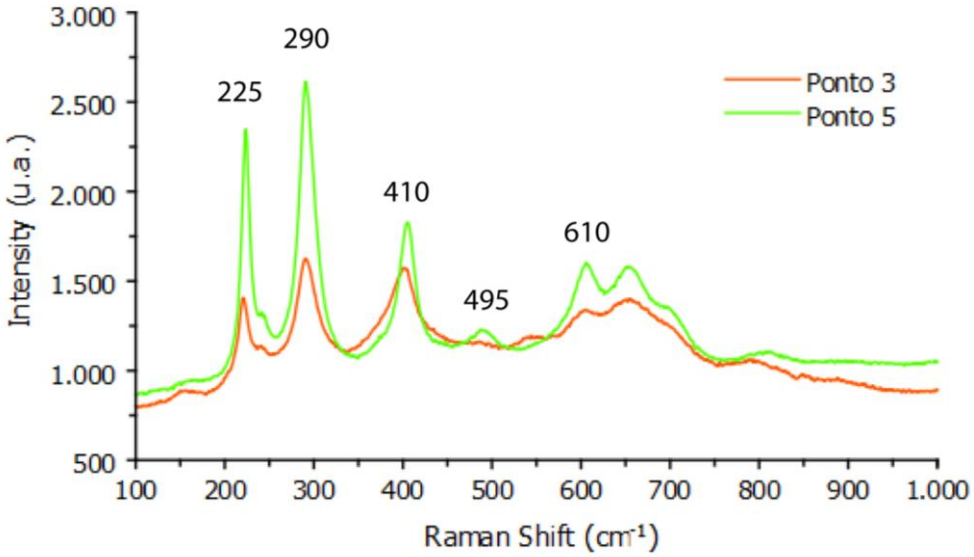
Figura 32 – Espectro do carbono amorfo identificado nos pontos 1, 2, 6 e 7 da sub-amostra D1-1



Fonte: <rruff.info>

Nos pontos 3 e 5 da sub-amostra D1-1 foi identificada a fase hematita, cuja fórmula química é representada pelo óxido de ferro III (Fe_2O_3) (Figura 33). As bandas características da hematita, em torno de 225, 290, 410, 495 e 610 cm^{-1} permitiram sua identificação (FARIA, LOPES, 2007). Esse mineral é muito utilizado para a produção de pigmentos devido a sua coloração avermelhada (PRIM *et al.*, 2011). A presença de óxidos de ferro é comum no solo da região de Minas Gerais, podendo ser apresentado em diversas formas como hematita, goetita e magnetita, sendo o estado uma referência por possuir importantes reservas desse mineral (FILHO *et al.*, 2015, JESUS *et al.*, 2018). A composição da sujidade está relacionada a composição do solo, visto que as partículas desse ambiente são transportadas pelo vento e depositadas na superfície do painel, explicando a presença abundante de ferro nas amostras.

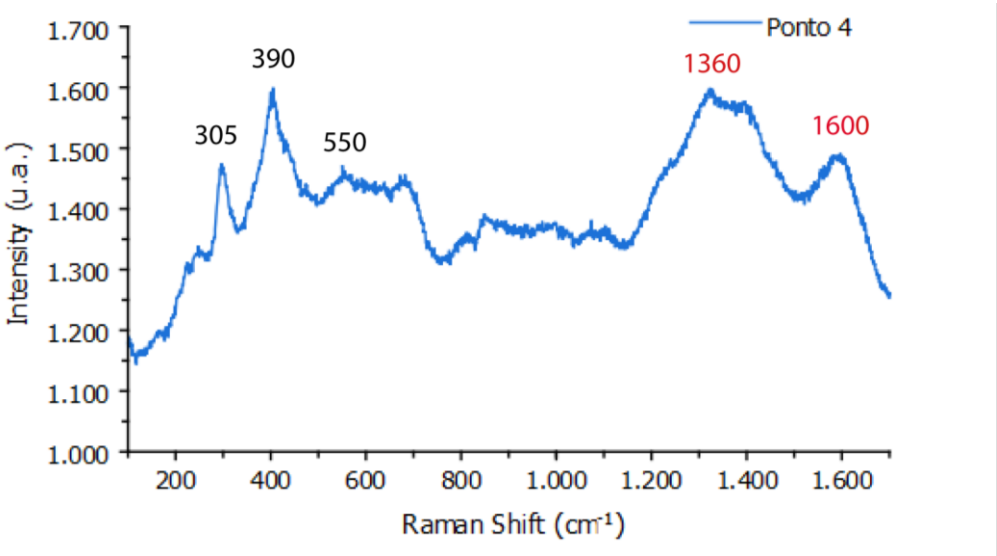
Figura 33 – Espectro da Hematita identificado nos pontos 3 e 5 da sub-amostra D1-1



Fonte: <rruff.info>

No ponto 4 da sub-amostra D1-1 foi identificada a fase mineral goethita, que também é um óxido de ferro porém com fórmula química FeO(OH) (Figura 34). As bandas características da goetita, em torno de 305, 390 e 550 cm^{-1} permitiram sua identificação (LI, HIHARA, 2015). Além disso, foi identificado nesse mesmo espectro o carbono amorfo, com as bandas características em torno de 1360 e 1600 cm^{-1} (DYCHALSKA *et al.*, 2015). As bandas referentes a goethita estão representadas em preto e ao carbono amorfo em vermelho (Figura 34).

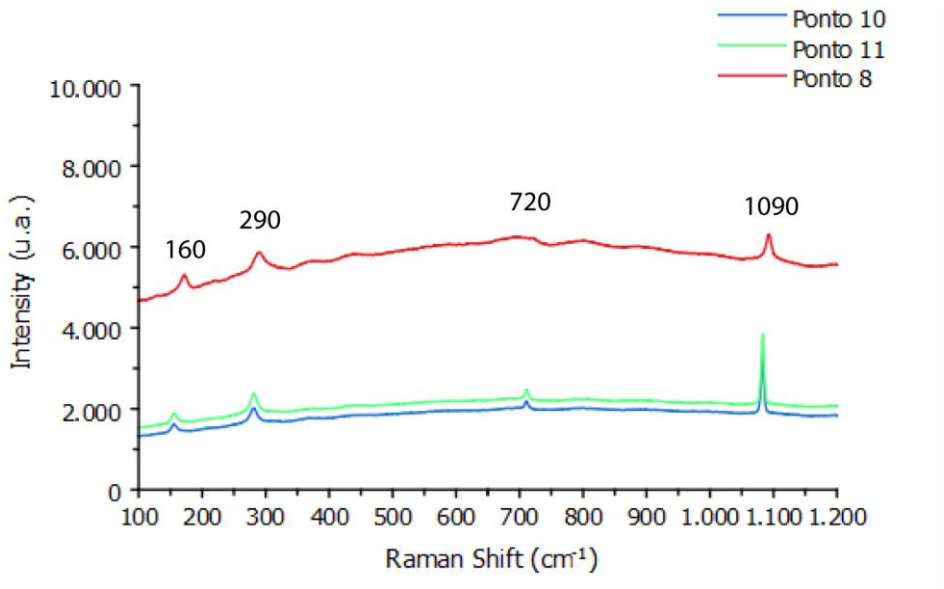
Figura 34 – Espectro da goetita e carbono amorfo identificado no ponto 4 da sub-amostra D1-1



Fonte: <rruff.info>

Nos pontos 8, 10 e 11 da sub-amostra D1-1 foi identificado o mineral calcita, um carbonato de cálcio cuja fórmula química é $CaCO_3$ (Figura 35). As bandas características da calcita, em torno de 160, 290, 720 e 1090 cm^{-1} permitiram sua identificação (DONNELLY *et al.*, 2017). Esse mineral é um dos principais na composição das rochas, sendo muito comum na região de Minas Gerais (JESUS *et al.*, 2018).

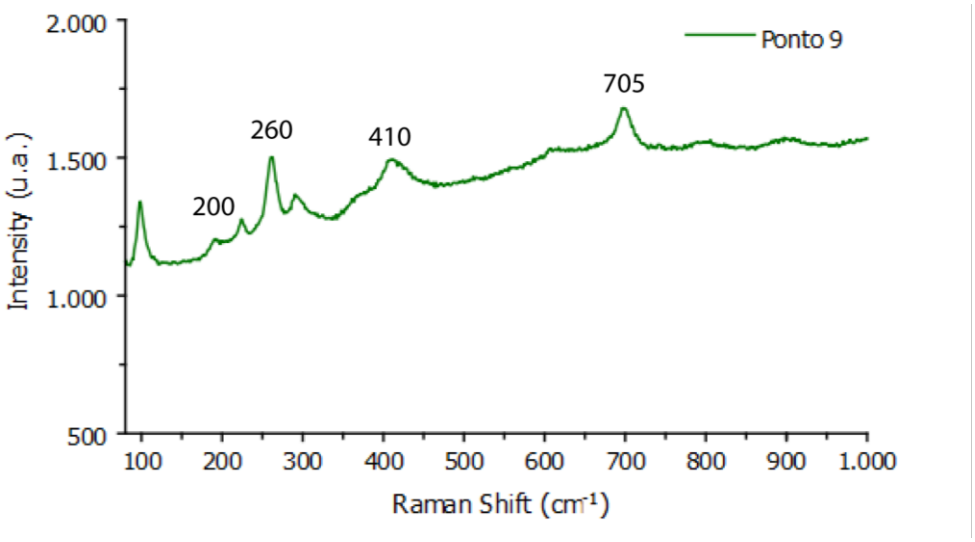
Figura 35 – Espectro da calcita identificada nos pontos 8, 10 e 11 da sub-amostra D1-1



Fonte: <rruff.info>

Por fim, no ponto 9 da sub-amostra D1-1 foi identificado o mineral muscovita, cuja fórmula química é $KAl_2(AlSi_3O_{10})(OH)$ (Figura 36). As bandas características da muscovita, um argilomineral presente em diversos tipos de solos, em torno de 160, 290, 720 e 1090 cm^{-1} permitiram sua identificação (WANG, FREEMAN, JOLLIFF, 2015).

Figura 36 – Espectro da muscovita identificada no ponto 9 da sub-amostra D1-1



Fonte: <rruff.info>

Já na sub-amostra D2-1 foram identificados minerais como hematita, quartzo e calcita. Nessa sub-amostra a hematita foi identificada em três dos dez pontos analisados, representando 30% deles, enquanto o quartzo e a calcita foram identificado em dois pontos distintos (Quadro 7).

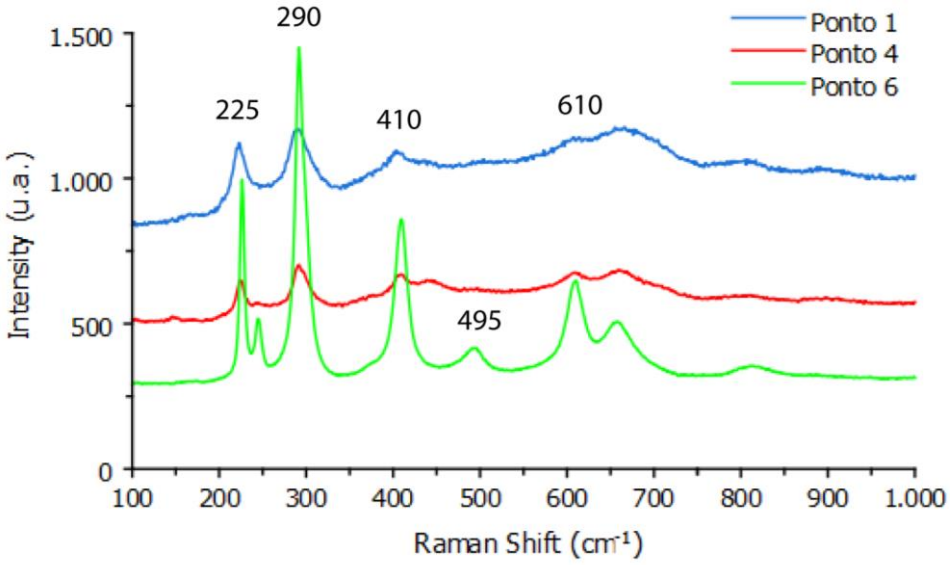
Quadro 7 - Substâncias identificadas pela análise de espectroscopia Raman na sub-amostra D2-1

Ponto	**Substância**	**Fórmula Química**	**Espectro**
1	Hematita	Fe_2O_3	Figura 37
2	Anatasio	TiO_2	Figura 38
3	Quartzo	SiO_2	Figura 39
4	Hematita	Fe_2O_3	Figura 37
5	Calcita	$CaCO_3$	Figura 40
6	Hematita	Fe_2O_3	Figura 37
7	Goethita	FeO(OH)	Figura 41
8	Carbono amorfo	C	Figura 42
9	Quartzo	SiO_2	Figura 39
10	Calcita	$CaCO_3$	Figura 40

Fonte: Próprio autor.

Nos pontos 1, 4 e 6 da sub-amostra D2-1 foi identificada a fase hematita, cujas bandas características estão em torno de 225, 290, 410, 495 e 610 cm^{-1} (Figura 37) (FARIA, LOPES, 2007).

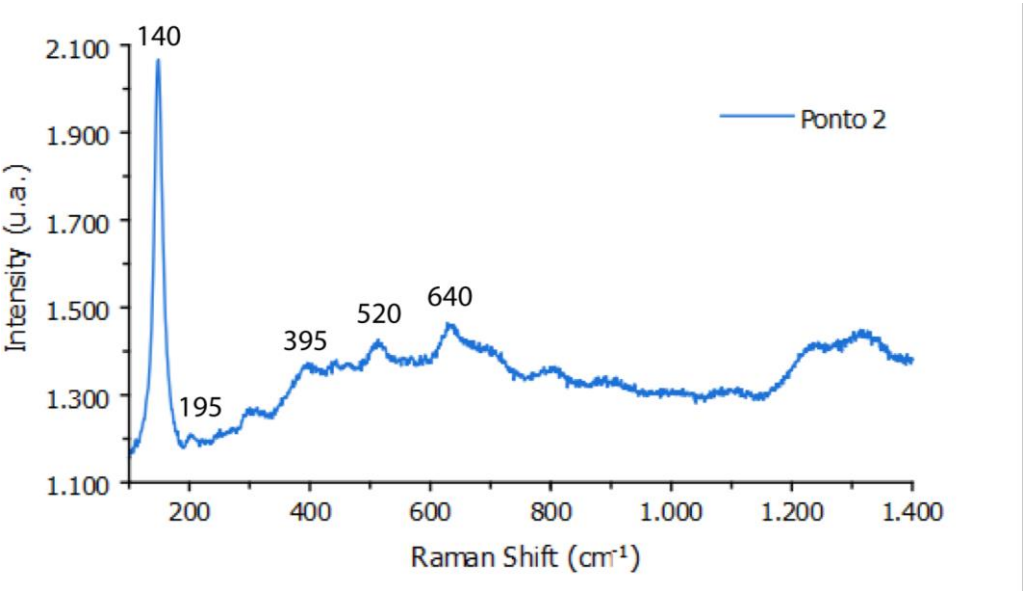
Figura 37 – Espectro da hematita identificada nos pontos 1, 4 e 6 da sub-amostra D2-1



Fonte: <rruff.info>

No ponto 2 da sub-amostra D2-1 foi identificada a fase anatasio, cuja fórmula química é representada pelo óxido de titânio TiO_2 (Figura 38). As bandas características do anatasio, em torno de 140, 195, 395, 520 e 640 cm^{-1} permitiram sua identificação (EL-DEEN *et al.*, 2018). O anatásio é identificado em rochas e sedimentos, sendo um mineral comum no solo (PORTER *et al.*, 2020). Como o painel fotovoltaico está localizado na zona urbana de Belo Horizonte, poeiras e sedimentos provenientes do solo, certamente tem acesso à sua superfície.

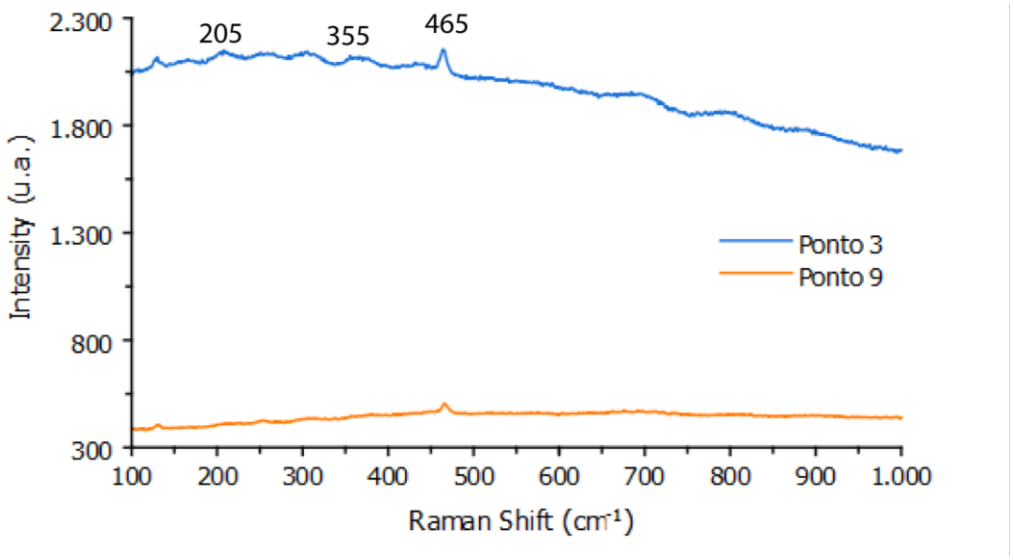
Figura 38 – Espectro do anatasio identificada no ponto 2 da sub-amostra D2-1



Fonte: <rruff.info>

Nos pontos 3 e 9 da sub-amostra D2-1 foi identificado o mineral quartzo, cuja fórmula química é SiO_2 (Figura 39). As bandas características do quartzo em torno de 460, 350 e 260 cm^{-1} permitiram sua identificação (BUZGAR *et al.*, 2013). O quartzo é um dos minerais mais abundante na terra e a forma mais comum do elemento sílica (PAN *et al.*, 2022).

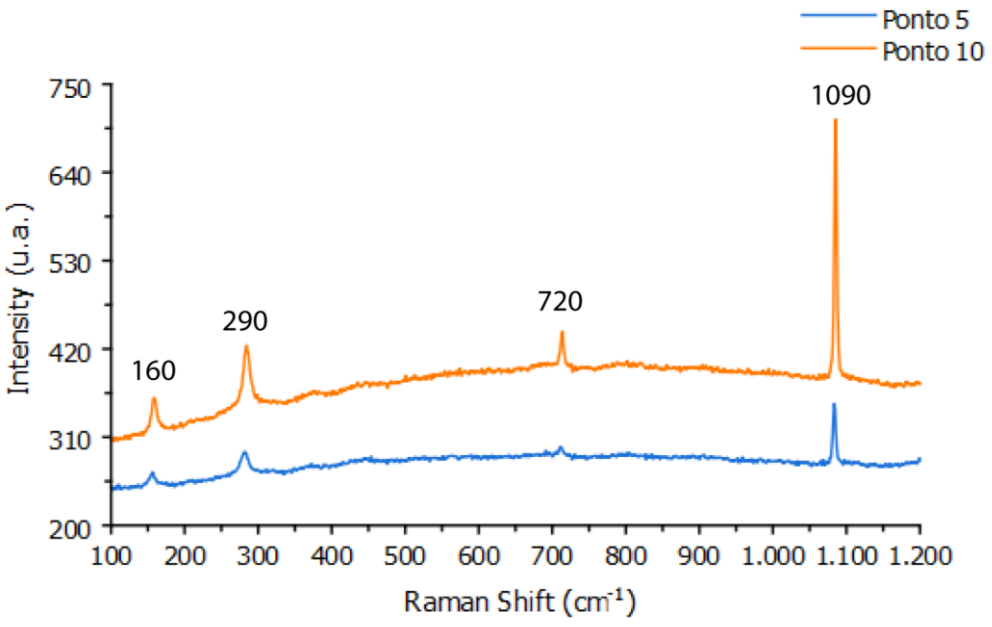
Figura 39 – Espectro do quartzo identificada nos pontos 3 e 9 da sub-amostra D2-1



Fonte: <rruff.info>

Nos pontos 5 e 10 da sub-amostra D2-1 foi identificado o mineral calcita, cujas bandas de referência estão em torno de 160, 290, 720 e 1090 cm^{-1} (Figura 40) (DONNELLY *et al.*, 2017).

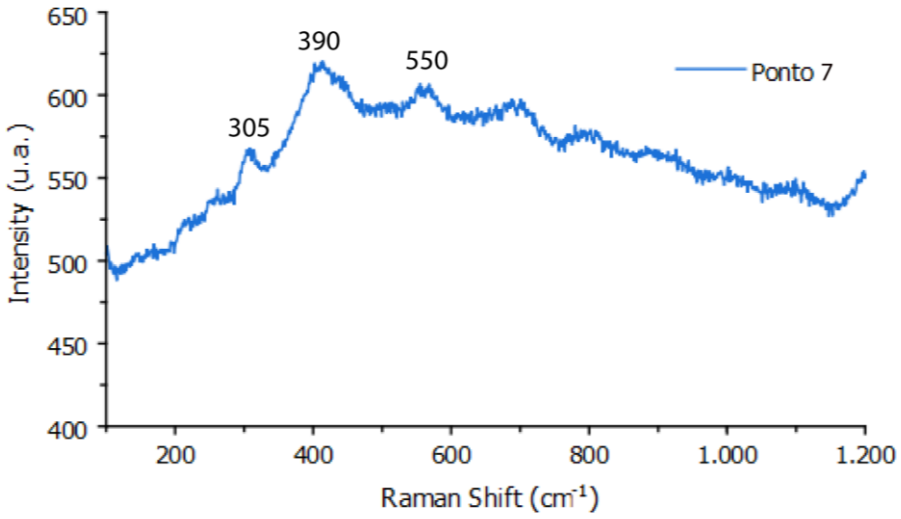
Figura 40 – Espectro da calcita identificada nos pontos 5 e 10 da sub-amostra D2-1



Fonte: <rruff.info>

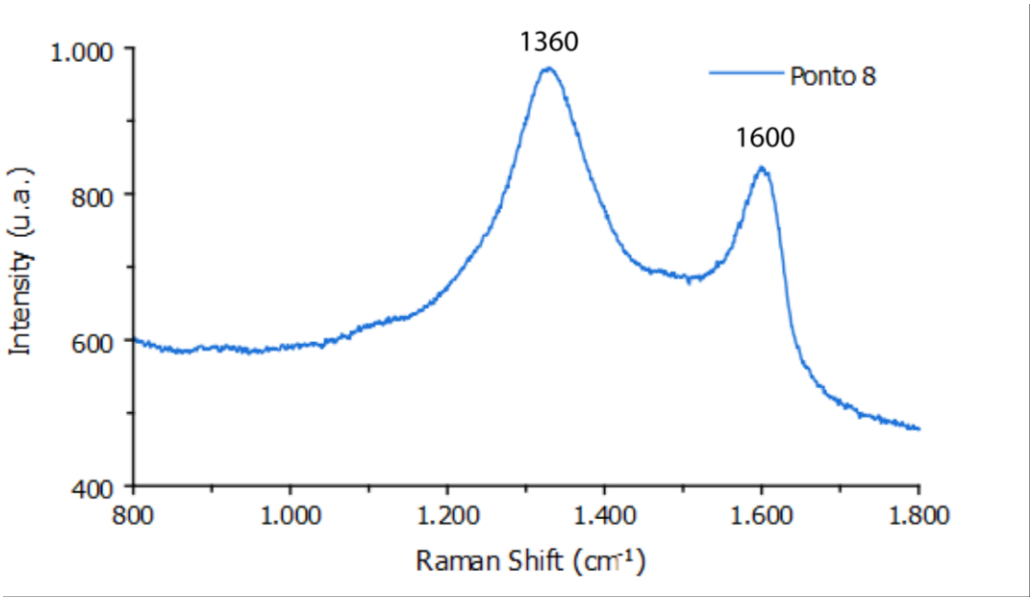
No ponto 7 da sub-amostra D2-1 foi identificado o mineral goethita, cujas bandas características estão em torno de 305, 390 e 550 cm^{-1} (Figura 41) (LI, HIHARA, 2015). E, por fim, no ponto 8 foi identificado o carbono amorfo, cujas bandas estão apresentadas em torno de 1360 e 1600 cm^{-1} (Figura 42) (DYCHALSKA *et al.*, 2015).

Figura 41 – Espectro da goethita identificada no ponto 7 da sub-amostra D2-1



Fonte: <rruff.info>

Figura 42 – Espectro do carbono amorfo identificada no ponto 8 da sub-amostra D2-1



Fonte: <rruff.info>

Por fim, na sub-amostra D3-1 foram identificados minerais como anatásio, hematita, feldspato e quartzo. A hematita foi identificada em três dos dez pontos analisados, representando mais de 30% deles. Já o anatásio, foi identificado em dois pontos (Quadro 8).

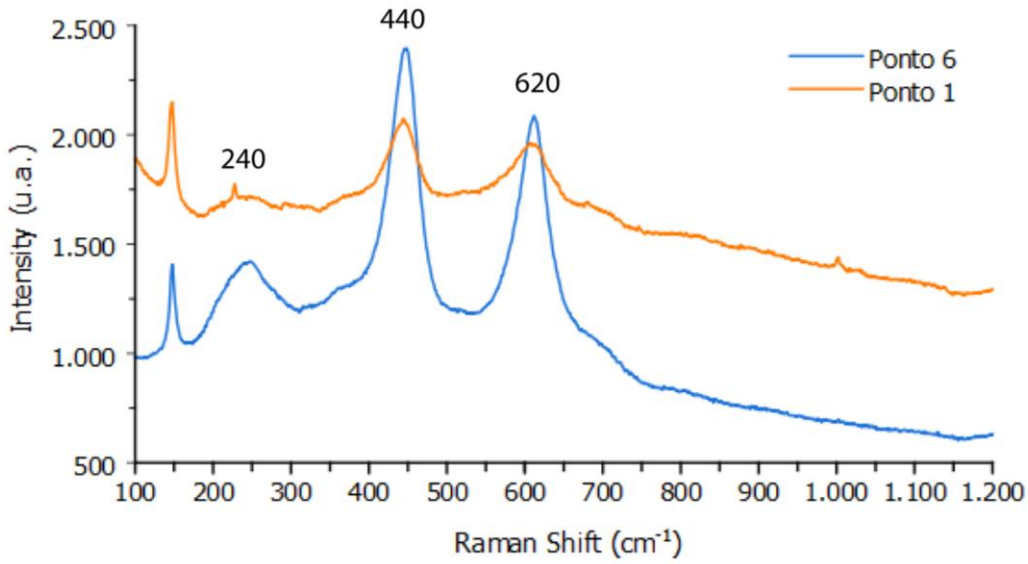
Quadro 8 – Substâncias identificadas pela análise de espectroscopia Raman na sub-amostra D3-1

Ponto	Substância	Fórmula Química	Espectro
1	Rutilo	TiO_2	Figura 43
2	Carbono amorfo	C	Figura 44
3	Quartzo	SiO_2	Figura 45
4	Hematita	Fe_2O_3	Figura 46
5	Feldspato (Ortoclásio)	$K(AlSi_3O_8)$	Figura 47
6	Rutilo	TiO_2	Figura 43
7	Hematita	Fe_2O_3	Figura 46
8	Hematita	Fe_2O_3	Figura 46
9	Ferrita de zinco, cobalto ou ferro	MFe_2O	Figura 49
10	Cromato de chumbo (crocoíta)	$PbCrO_4$	Figura 50

Fonte: Próprio autor

Nos pontos 1 e 6 foi identificado o mineral rutilo, cuja fórmula química é representada pelo óxido de titânio (TiO_2) (Figura 43). As bandas características do rutilo, em torno de 240, 440 e 620 cm^{-1}, permitiram sua identificação (GLASS, FRIES, 2008). O rutilo, assim como o anatasio é identificado em rochas e sedimentos, sendo um mineral comum no solo (PORTER *et al.*, 2020). Como o painel fotovoltaico está localizado na zona urbana de Belo Horizonte, poeiras e sedimentos provenientes do solo, certamente tem acesso à sua superfície.

Figura 43 – Espectro do rutilo identificado nos pontos 1 e 6 da sub-amostra D3-1

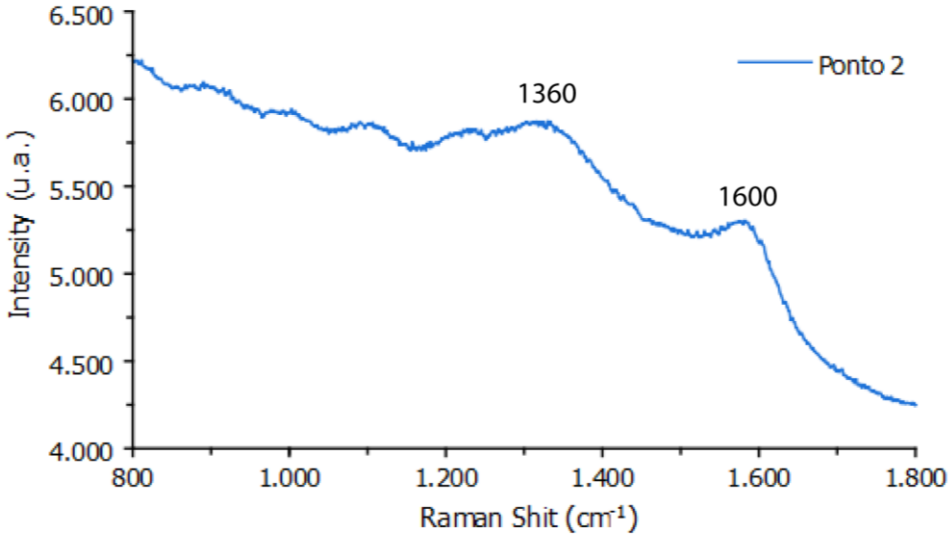


Fonte: <rruff.info>

Apesar dos minerais anatásio e rutilo serem representados pelo óxido de titânio, eles apresentam fases mineralógicas diferentes, consequentemente, exibindo características físico-químicas distintas (ZHANG *et al.*, 2014). Considerando o espectro Raman dos dois minerais, o anatasio normalmente é diferenciado pela presença de um pico mais intendo em torno de 140 cm^{-1} (HARDCASTLE, 2011), como apresentado na Figura 38 e na Figura 43. Os óxidos de titânio, nas formas de anatasio e rutilo, são muito comuns no solo de Minas Gerais (FILHO *et al.*, 2015), explicando a presença desses minerais na superfície do painel fotovoltaico.

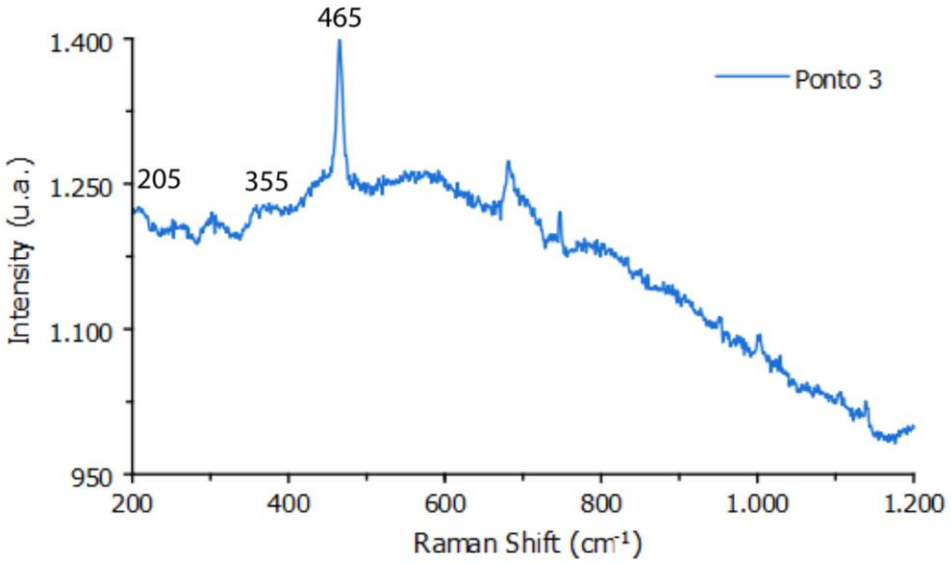
No ponto 2 da sub-amostra D3-1 foi identificado o carbono amorfo, cujas bandas características estão em torno de 1360 e 1600 cm^{-1} (Figura 44) (DYCHALSKA *et al.*, 2015). E no ponto 3 foi identificado o quartzo, cujas bandas de referência estão em torno de 460, 350 e 260 cm^{-1} (Figura 45) (BUZGAR *et al.*, 2013).

Figura 44 – Espectro do carbono amorfo identificado no ponto 2 da sub-amostra D3-1



Fonte: <rruff.info>

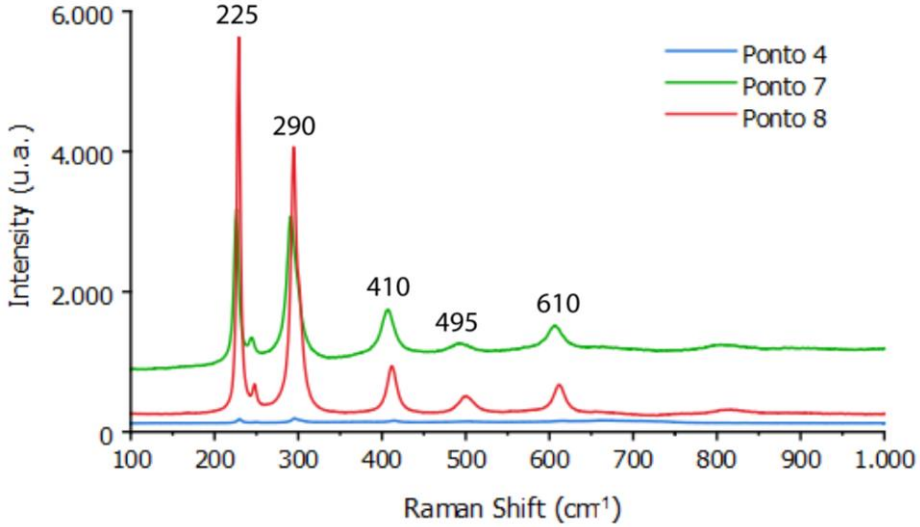
Figura 45 – Espectro do quartzo identificado no ponto 3 da sub-amostra D3-1



Fonte: <rruff.info>

Nos pontos 4, 7 e 8 da sub-amostra D3-1 foi identificada a fase hematita, cujas bandas características estão em torno de 225, 290, 410, 495 e 610 cm^{-1} (Figura 46) (FARIA, LOPES, 2007).

Figura 46 – Espectro da hematita identificada nos pontos 4, 7 e 8 da sub-amostra D3-1

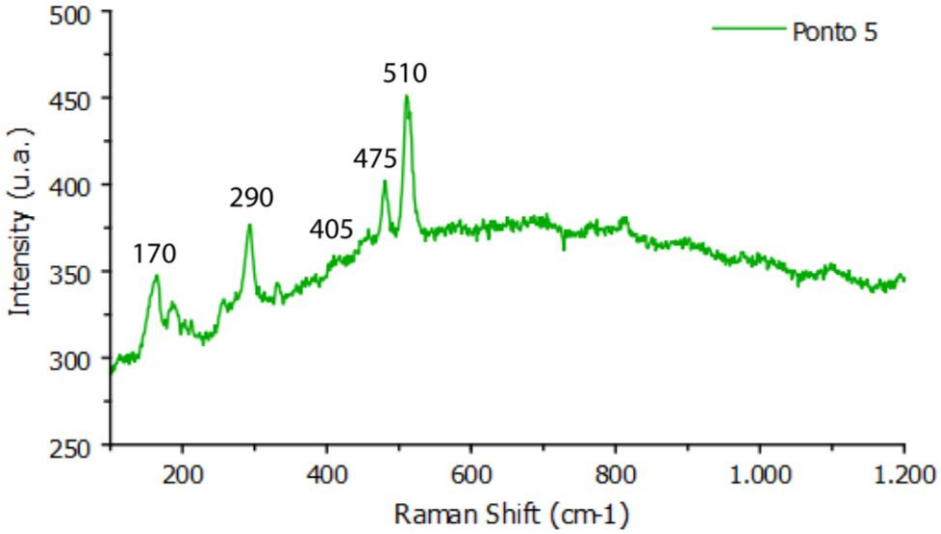


Fonte: <rruff.info>

No ponto 5 da sub-amostra D3-1 foi identificado o feldspato, grupo de minerais mais abundantes da terra. O espectro desse feldspato é característico do ortoclásio (Figura 47),

feldspato de fórmula química $K(AlSi_3O_8)$, com as bandas características em 170, 290, 405, 475 e 510 cm^{-1} (LIU *et al.*, 2018).

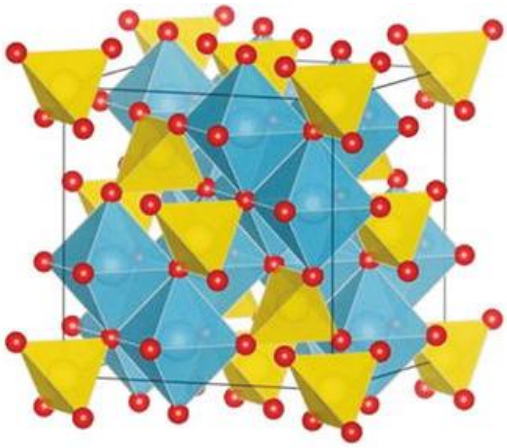
Figura 47 – Espectro do ortoclásio identificado no ponto 5 da sub-amostra D3-1



Fonte: <rruff.info>

Já no ponto 9 da sub-amostra D3-1 foi identificado um spinel de ferrita de cobalto ou de zinco ou magnetita (Fe_3O_4). A fórmula geral do spinel de ferrita é MFe_2O_4, onde "M" é um metal divalente, nesse caso, zinco, cobalto ou ferro. Na estrutura cristalina do spinel de ferrita o metal "M" e o ferro ocupam sítios tetraédricos e octaédricos, respectivamente, e são rodeados por átomos de oxigênio (Figura 48). Os spinel de ferrita têm uma ampla gama de aplicações em eletrônica, sensores e dispositivos magnéticos. Esses materiais têm propriedades magnéticas únicas, além de possuir alta resistência a corrosão, tornando-o uma escolha popular para aplicações em ambientes hostis (AMIRI, SALAVATI-NIASARI, AKBARI, 2019, QIN *et al.*, 2021).

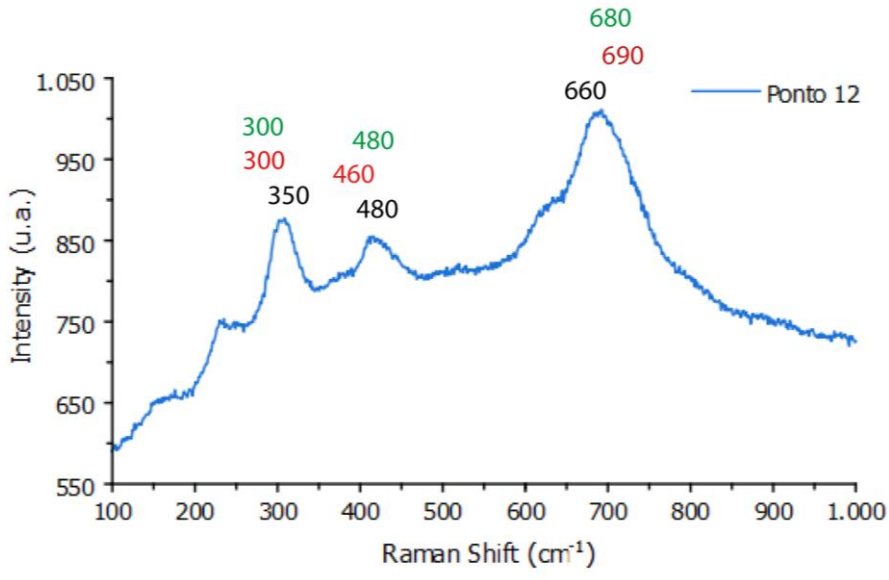
Figura 48 – Representação da estrutura cristalina de um spinel de ferrita



Fonte: GALINETTO *et al.*, 2018

Não foi possível descobrir qual spinel de ferrita foi identificado no ponto 9 apenas utilizando o espectro Raman (Figura 49), então, para identificação do metal "M" existe a necessidade da utilização de outras técnicas em conjunto. Porém, o espectro é semelhante ao da magnetita (ferrita de ferro), com bandas de referência em torno de 300, 480 e 680 cm^{-1} (representadas em verde) (MONTAGNAC, 2000), ou de cobalto, com bandas de referência em torno de 300, 460 e 690 cm^{-1} (representadas em vermelho) (KHARAT *et al.*, 2018), ou da ferrita de zinco, com bandas de referência em torno de 350, 480 e 660 cm^{-1} (representadas em preto) (Figura 49) (GALINETTO *et al.*, 2018).

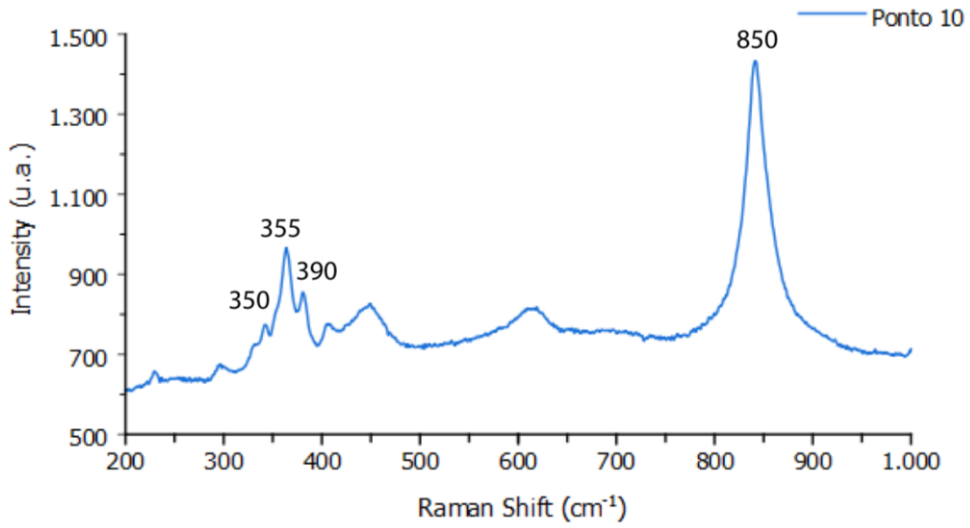
Figura 49 – Espectro da ferrita identificada no ponto 9 da sub-amostra D3-1 com as bandas características da ferrita de ferro (verde), de cobalto (vermelho) e de zinco (preto)



Fonte: <rruff.info>

Por fim, no ponto 10 da sub-amostra D3-1 foi identificado o cromato de chumbo ($PbCrO_4$), conhecido como crocoíta (Figura 50). O espectro desse mineral é caracterizado por uma banda intensa em torno de 850 e bandas menos intensas em torno de 350, 355 e 390 cm^{-1} (BERSANI *et al.*, 2016). Esse mineral é utilizado para a fabricação de tintas e pigmentos, e, normalmente, é revestido por sílica, para reduzir sua dissolução, visto que o cromato de chumbo é considerado tóxico e cancerígeno. A crocoíta já foi identificada na tinta amarela de trânsito, utilizada nas estradas e avenidas (O'SHEA *et al.*, 2021).

Figura 50 – Espectro da crocoíta identificada no ponto 10 da sub-amostra D3-1



Fonte: <rruff.info>

Comparando-se as sub-amostras D1-1, D2-1 e D3-1 é possível perceber uma semelhança entre as fases minerais identificadas, exceto alguns pontos discrepantes como o feldspato, rutilo e a ferrita identificados em D3-1, a muscovita identificado em D1-1 e o anatasio identificado em D2-1 (Quadro 9). Apesar dessas diferenças mineralógicas de fase, todas as sub-amostras apresentaram minerais à base de ferro (hematita, goetita e ferrita), óxidos de titânio (rutilo e anatasio), silicatos (quartzo, muscovita e feldspato) e carbonato (calcita) (Quadro 9).

Quadro 9 – Comparação entre os minerais identificados nas sub-amostras D1-1, D2-1 e D3-1

Mineral	**Fórmula Química**	**D1-1**	**D2-1**	**D3-1**
Hematita	Fe_2O_3	identificado	identificado	identificado
Goetita	$FeO(OH)$	identificado	identificado	não identificado
Calcita	$CaCO_3$	identificado	identificado	não identificado
Quartzo	SiO_2	não identificado	identificado	identificado
Carbono amorfo	C	identificado	identificado	identificado
Muscovita	$KAl_2(AlSi_3O_{10})(OH)$	identificado	não identificado	não identificado
Anatasio	TiO_2	não identificado	identificado	não identificado
Rutilo	TiO_2	não identificado	não identificado	identificado

Feldspato	$K(AlSi_3O_8)$	não identificado	não identificado	identificado
Ferrita	MFe_2O_4	não identificado	não identificado	identificado

Fonte: Próprio autor

Foi possível identificar o elemento ferro em todas as sub-amostras, proveniente da hematita, ferrita e goethita, presente em 11 dos 31 pontos identificados, representando cerca de 35% dos pontos. Minas Gerais é uma região conhecida pela extração de minério de ferro e o solo dessa região é rico neste elemento (BARBOSA *et al.*, 2022, FRAGA *et al.*, 2018), sendo coerente sua identificação em um painel localizado em uma movimentada avenida de Belo Horizonte. Além disso, é possível relacionar a análise funcional dessa amostra com a caracterização Raman, visto que o gene mais abundante na amostra D3, identificado através do banco de dados KEGG, foi o que codifica a proteína de transporte de ferro. Ainda, diversos estudos demonstram que a formação do biofilme está associada a presença de ferro, sendo que esse elemento tem um papel regulador em sua produção (BANIN, BRADY, GREENBERG, 2006, LIN *et al.*, 2012, OJHA, HATFULL, 2007, OLIVEIRA *et al.*, 2021, WU, OUTTEN, 2009). Outra correlação interessante é que, de acordo com Satari, Iglesias e Porcar (2023) os carotenoides podem atuar como quelantes de metais e converter íons tóxicos de ferro em moléculas seguras. No item 5.1 de análises taxonômicas foi demonstrado que a maioria dos microrganismos presente na superfície do painel são produtores dessa substância, estando também relacionado a presença de ferro nas amostras.

Vários estudos demonstraram que o impacto na geração de energia depende da composição química da poeira e partículas acumuladas na superfície do painel fotovoltaico, sendo importante seu estudo e caracterização (AÏSSA *et al.*, 2016, APPELS *et al.*, 2013, DHAOUADI *et al.*, 2021, FRAGA *et al.*, 2018, ILSE *et al.*, 2018, JAVED, GUO, FIGGIS, 2017, JESUS *et al.*, 2018, MEJIA, KLEISSL, 2013). Um artigo publicado na revista *Applied Adhesion Science*, não apenas afirmou que a presença de sujidades afeta a eficiência do painel, mas também propôs uma superfície autolimpante utilizando compósitos de TiO_2/SiO_2 para contornar o acúmulo de sujidades na superfície do painel. Os filmes apresentaram propriedade de alta transmitância, resistência a abrasão e se mostrou promissor como autolimpante, podendo reduzir o acúmulo do *soiling* em painéis fotovoltaicos (JESUS *et al.*, 2015).

Dois estudos de caracterização da sujidade de painéis fotovoltaicos localizados no Qatar identificaram como elementos principais, além do oxigênio e do carbono, cálcio, sílica, ferro e magnésio, por difração de raio X. Além disso, o mineral calcita foi o mais abundante nos dois estudos (AÏSSA *et al.*, 2016, JAVED *et al.*, 2017). O trabalho de Dhaouadi *et al.*, 2021 fez a

mesma análise, obtendo resultados muito semelhantes em painéis localizados em Sharjah, nos Emirados Árabes, mostrando que a composição se mantém em regiões próximas.

Fraga e colaboradores (2018) fizeram a caracterização do *soiling* proveniente de painéis fotovoltaicos de um estádio de futebol localizado em Minas Gerais. Foram identificados, principalmente, os elementos silício e ferro, seguido de alumínio e cálcio, através de fluorescência de raio X. Já em composição mineralógica, foram identificados hematita, quartzo, caulinita, calcita e muscovita, mostrando resultados um pouco diferentes dos painéis analisados nos Emirados Árabes.

Um trabalho também realizado no painel fotovoltaico do CEFET-MG, localizado em Belo Horizonte, publicado na revista *Solar Energy Materials and Solar Cells*, identificou, principalmente, minerais como hematita, calcita, goehtita, mica e lepidocrocita, mostrando elevada quantidade de ferro nas amostras, condizente com a elevada quantidade desse elemento no solo de Minas Gerais (JESUS *et al.*, 2018).

A presença do biofilme afeta a absorção da luz solar em painéis fotovoltaicos, reduzindo sua capacidade de geração de energia (NOACK-SCHÖNMANN *et al.*, 2014). Porém, sua presença também pode afetar o rendimento do painel devido ao aumento da taxa de acumulo de partículas e sujidades em sua supérficie, que são depositadas, aderidas e imobilizadas com maior facilidade. (GORBUSHINA, 2007 apud SHIRAKAWA *et al.*, 2015) Essas partículas propagadas pelo vento são depositadas ali e servem como fonte de nutrientes para os organismos (GORBUSHINA, 2007). Assim, percebe-se uma relação entre a formação de biofilmes e a presença da sujidade na superfície do painel fotovoltaico, mostrando que o *soiling* no geral, ou seja, tanto a presença de microrganismos quanto a presença de sujeiras e partículas, conjuntamente, afetam a eficiência do painel.

6. CONCLUSÕES

Foram identificados táxons de bactérias e arqueas descritos como organismos extremófilos, isolados de ambientes com condições adversas, como grande variação de temperatura, radiação solar, estresse oxidativo, dessecação e baixa disponibilidade de água e nutrientes. Estes organismos apresentam mecanismos de defesa para sobrevivência como produção de carotenoides, de EPS e, principalmente, formação de biofilme. Os dados de análise funcional corroboram os resultados de identificação taxonômica, sendo que diversos genes envolvidos em choque térmico, reparo de DNA, síntese de carotenoides, síntese de EPS e regulação e formação de biofilmes foram identificados em abundância.

Através deste trabalho foi possível a realização do primeiro estudo sobre a comunidade microbiana de painel fotovoltaico no Brasil utilizando-se metagenômica *shotgun*, o que proporcionou uma visão tanto taxonômica quanto funcional dando ênfase na produção e persistência do biofilme, contribuindo para futuros trabalhos que visam o aumento da produção de energia sustentável. Além dessas informações o pipeline do *SqueezeMeta* gerou outros dados que ainda poderão ser analisados, permitindo-se, por exemplo, a montagem de genomas completos, apresentando-se como perspectivas futuras deste trabalho.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AÏSSA, B.; ISAIFAN, R. J.; MADHAVAN, V. E.; ABDALLAH, A. A. Structural and physical properties of the dust particles in Qatar and their influence on the PV panel performance. **Scientific Reports,** v. 6, p. 1-12, 2016. Disponível em: https://www.nature.com/articles/srep31467. Acesso em: 20/02/2023.

AMIRI, M.; SALAVATI-NIASARI, M.; AKBARI, A. Magnetic nanocarriers: Evolution of spinel ferrites for medical applications. **Advances in Colloid and Interface Science,** v. 265, p. 29-44, 2019. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0001868618303026?casa_token=0lyD0S9IrtUAAAAA:rrtouEhtDIRbz8FaWPGiav0COHRMToWHa-ELTvDYpo5MxolJwAXyFQv_lApBFzTYPfjQPrfCEYY. Acesso em: 06/03/2023.

ANJOS, E. C. T.; CAVALCANTE, U. M. T.; GONÇALVES, D. M. C.; PEDROSA, E. M. R.; SANTOS, V. F.; MAIA, L. C. Interactions between an arbuscular mycorrhizal fungus (Scutellospora heterogama) and the root-knot nematode (Meloidogyne incognita) on sweet passion fruit (Passiflora alata). **Brazilian Archives of Biology and Technology,** v. 53, n. 4, 2010. Disponível em: https://www.scielo.br/j/babt/a/PNvWcMFfPyNpCPL4h9jq6kh/?lang=en. Acesso em: 09/08/23.

APPELS, R.; LEFEVRE, B.; HERTELEER, B.; GOVERDE, H.; BEERTEN, A.; PAESEN, R.; MEDTS, K.; DRIESEN, J.; POORTMANS, J. Effect of soiling on photovoltaic modules. **Solar Energy,** v. 96, p. 283-291, 2013. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0038092X1300282X?casa_token=Y8T4Uco0WuYAAAAA:dBqG2yfcV9ryyLu54hg4vjbrWLhtNoJV6G7jkhuT73Q_C8_Y2V1ca1plo45LtOo56SDNnsDhTZM. Acesso em: 20/02/2023.

ARI, S.; ARIKAN, M. Next-Generation Sequencing: Advantages, Disadvantages, and Future. **Plant Omics: Trends and Applications,** p. 109-135, 2016. Disponível em: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-31703-8_5. Acesso em: 08/03/2023.

ARTAXO, P. Uma nova era geológica em nosso planeta: o Antropoceno?. **Revista USP**, n. 103, p. 13-24, 2014. Disponível em: https://www.revistas.usp.br/revusp/article/view/99279. Acesso em: 11/11/21.

ARUP, U.; SøCHTING, U.; FRÖDÉN, P. A new taxonomy of the family Teloschistaceae. **Nordic Journal of Botany,** v. 117, 2013. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/j.1756-1051.2013.00062.x. Acesso em: 12/08/23.

ASAF, S.; NUMAN, M.; KHAN, A. L.; AL-HARRASI, A. *Sphingomonas*: from diversity and genomics to functional role in environmental remediation and plant growth. **Critical Reviews in Biotechnology,** v. 40, n. 2, p. 138-152, 2020. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/07388551.2019.1709793. Acesso em: 20/08/23.

AZIZ, R. K.; BREITBART, M.; EDWARDS, R. A. Transposases are the most abundant, most ubiquitous genes in nature. **Nucleic Acids Research,** v. 38, n. 13, p. 4207-4217, 2010. Disponível em: https://academic.oup.com/nar/article/38/13/4207/2409113?login=false. Acesso em: 13/02/2023.

BANG, C.; EHLERS, C.; ORELL, A.; PRASSE, D.; MARLENE, S.; GORB, S. N.; ALBERS S.; SCHMITZ, R. A. Biofilm formation of mucosa-associated methanoarchaeal strains. **Frontiers in Mycrobiology**, v. 5, 2014. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2014.00353/full. Acesso em: 15/02/2023.

BANIN, E.; BRADY, K. M.; GREENBERG, E. P. Chelator-Induced Dispersal and Killing of *Pseudomonas aeruginosa* Cells in a Biofilm. **Environmental Microbiology**, v. 72, n. 3, p. 2064-2069, 2006. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/epub/10.1128/AEM.72.3.2064-2069.2006. Acesso em: 06/02/2023.

BARBOSA, W. F. C.; JUNIOR, J. F. C. C.; COSTA, V. R. M.; RAMOS, M. O.; ALVES, H. L.; CELESTINO, K. R. S.; FRANCO C. A. M.; SILVA, A. M. M.; NORONHA, L. K. G.; BACHINSKI, G. R. S.; COGO, R. Recuperação ambiental de áreas degradadas pela mineração de ferro: uma revisão sobre técnicas e possibilidades. **Revista Científica FAMAP**, v. 2, n. 2, 2022. Disponível em: https://revistacientifica.faculdadefamap.edu.br/revista/article/view/28. Acesso em: 17/02/2023.

BERSANI, D.; CONTI, C.; MATOUSEK, P.; POZZI, F.; VANDENABEELE, P. Methodological evolutions of Raman spectroscopy in art and archaeology. **Analytical Methods,** v. 8, p. 8395-8409, 2016. Disponível em: https://pubs.rsc.org/en/content/articlehtml/2016/ay/c6ay02327d. Acesso em: 07/08/2023.

BEZERRA, F. D. Energia Solar. **Caderno Setorial ETENE.** v. 6, n. 174, p. 1-15. 2021. Disponível em: https://198.17.121.65/s482-dspace/bitstream/123456789/834/1/2021_CDS_174.pdf. Acesso em: 28/12/21.

BHUNJUN, C. S.; DONG, Y.; JAYAWARDENA, R. S.; JEEWON, R.; PHUKHAMSAKDA, C.; BUNDHUN, D.; HYDE, K. D.; SHENG, J. A polyphasic approach to delineate species in *Bipolaris*. **Fungal Diversity,** v. 102, p. 225-256, 2020. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s13225-020-00446-6. Acesso em: 12/08/23.

BJERKETORP, J.; LEVENFORS, J. J.; NORD, C.; GUSS, B.; ÖBERG, B.; BROBERG, A. Selective Isolation of Multidrug-Resistant Pedobacter spp., Producers of Novel Antibacterial Peptides. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 1-17. 2021. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2021.642829/full. Acesso em: 07/11/22.

BLANCO, Y.; RIVAS, L. A.; GONZÁLES-TORIL, E.; RUIZ-BERMEJO, M.; MORENO-PAZ, M.; PARRO, V.; PALACÍN, A.; AGUILERA, A.; PUENTE-SÁNCHEZ, F. Environmental parameters, and not phylogeny, determine the composition of extracellular polymeric substances in microbial mats from extreme environments. **Science of The Total Environment.** v. 650, p. 384-393. 2019. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969718334168?casa_token=SW_wM836teIAAAAA:QqbOpeTMNh54q6LKzg2KlD4v6F8RTmh52GFpKmTcBPHNbuyQw3Q_X2NPEoPe9Z4aBueYMWQ7JaXkwA. Acesso em: 17/12/21.

BOFF, C. M. Microrganismos do Permafrost como Indicadores Paleoclimáticos da Antártica. 2018. 126 f. Dissertação (especialização) – Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis. 2018. Disponível em: https://repositorio.ufsc.br/bitstream/handle/123456789/198940/PBTC0286-D.pdf?sequence=-1&isAllowed=y. Acesso em: 07 mai. 2021.

BOLGER, A. M.; LOHSE, M.; USADEL, B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. **Bioinformatics**, v. 30, n. 15, p. 2114-2120, 2014. Disponível em: https://academic.oup.com/bioinformatics/article/30/15/2114/2390096. Acesso em: 09/12/2022.

BOSCH, J.; ALBA, A. M.; MARQUÍNEZ, S.; PRICE, S. J.; THUMSOVÁ, B.; BIELBY, J. Long-Term Monitoring of Amphibian Populations of a National Park in Northern Spain Reveals Negative Persisting Effects of *Ranavirus*, but Not *Batrachochytrium dendrobatidis*. **Frontiers in Veterinary Science,** v. 8, p. 1-9, 2021. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2021.645491/full. Acesso em: 24/11/22.

BRINKROLF, K.; PLÖGER, S.; SOLLE, S.; BRUNE, I.; NENTWICH, S. S.; HÜSER, A. T.; KALINOWSKI, J.; PÜHLER, A.; TAUCH, A. The LacI/GalR family transcriptional regulator UriR negatively controls uridine utilization of Corynebacterium glutamicum by binding to catabolite-responsive element (cre)-like sequences. **Microbiology**, v. 154, p. 1068-1081, 2008. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/micro/10.1099/mic.0.2007/014001-0?crawler=true. Acesso em: 27/01/2023.

BROCHIER-ARMANET, C.; BOUSSAU, B.; GRIBALDO, S.; FORTERRE, P. Mesophilic *crenarchaeota*: proposal for a third archaeal phylum, the *Thaumarchaeota*. **Nature Reviews Microbiology,** v. 6, p. 245–252, 2008. Disponível em: https://www.nature.com/articles/nrmicro1852. Acesso em: 29/11/22.

BROCK, T. D. The Value of Basic Research: Discovery of *Thermus aquaticus* and Other Extreme Thermophiles. **Genetics**, v. 146, p. 1207-1210, 1997. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1208068/. Acesso em: 17/02/2023.

BROMBACHER, E.; BARATTO, A.; DOREL, C.; LANDINI, P. Gene Expression Regulation by the Curli Activator CsgD Protein: Modulation of Cellulose Biosynthesis and Control of Negative Determinants for Microbial Adhesion. **Journal of Bacteriology,** v. 188, n. 6, p. 2027-2037, 2006. Disponível em:https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16513732/. Acesso em: 12/02/2023.

BUCHFINK, B.; XIE, C.; HUSON, D. H. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. **Nature Methods**, v. 12, n. 1, p. 59-60, 2015. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25402007/. Acesso em: 11/01/2023.

BUCZOLITS, S.; BUSSE, H. *Hymenobacter*. **Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria,** p. 1-11. 2015. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/9781118960608.gbm00267. Acesso em: 09/11/22.

BUSCHIAZZO, A.; TRAJTENBERG, F. Two-Component Sensing and Regulation: How Do Histidine Kinases Talk with Response Regulators at the Molecular Level?. **Annual Review in Microbiology,** v. 73, p. 507-528, 2019. Disponível em: https://www.annualreviews.org/doi/full/10.1146/annurev-micro-091018-054627. Acesso em: 13/02/2023.

BUZGAR, N.; APOPEI, A. I.; DIACONU, V.; BUZATU, A. The composition and source of the raw material of two stone axes of Late Bronze Age from Neamț County (Romania) - A Raman study. **Seria Geologie,** v. 59, n. 1, p. 5-22, 2013. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Nicolae-

Buzgar/publication/260717696_The_composition_and_source_of_the_raw_material_of_two_stone_axes_of_Late_Bronze_Age_from_Neamt_County_Romania_-_A_Raman_study/links/0a85e532156676743500000/The-composition-and-source-of-the-raw-material-of-two-stone-axes-of-Late-Bronze-Age-from-Neamt-County-Romania-A-Raman-study.pdf. Acesso em: 06/03/2023.

CARTER, E. D.; MILLER, D. L.; PETERSON, A. C.; SUTTON, W. B.; CUSAAC, J. P. W.; SPATZ, J. A.; ROLLINS-SMITH, L.; REINERT, L.; BOHANON, M.; WILLIAMS, L. A.; UPCHURCH, A.; GRAY, M. J. Conservation risk of *Batrachochytrium salamandrivorans* to endemic lungless salamanders. **Conservation Lettres,** v. 13, p. 1-11, 2019. Disponível em: https://conbio.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/conl.12675. Acesso em: 24/11/22.

CARVALHO, J. L. N.; AVANZI, J. C.; SILVA, M. L. N.; MELLO, C. R. D.; CERRI, C. E. P. Potencial de sequestro de carbono em diferentes biomas do Brasil. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. *34*, p. 277-290. 2010. Disponível em: https://www.scielo.br/j/rbcs/a/QKJZTHq3WhVSXHgVMyskHCL/abstract/?lang=pt. Acesso em: 11/11/21.

CAVALIER-SMITH, T.; CHAO, E. E. Multidomain ribosomal protein trees and the planctobacterial origin of neomura (*eukaryotes, archaebacteria*). **Protoplasma,** v. 257, n. 3, p. 621–753, 2020. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7203096/. Acesso em: 29/11/22.

CERQUEIRA, F. M.; PHOTENHAUER, A. L.; POLLET, R. M.; BROWN, H. A.; KOROPATKIN, N. M. Starch Digestion by Gut Bacteria: Crowdsourcing for Carbs. **Trends in Microbiology**, v. 28, n. 2, p. 95-108, 2020. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0966842X19302392. Acesso em: 26/01/2023.

CHAPMAN, E. S.; EVANS, E.; JACOBELLI, M. C.; LOGAN, A. A. The Cellulolytic and Amylolytic Activity of *Papulaspora Thermophila*. **Mycologia,** v. 67, n. 3, p. 608-615, 1975. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/00275514.1975.12019783. Acesso em: 12/08/23.

CHAUDHARY, D. K.; DAHAL, R. H.; HONG, Y. *Noviherbaspirillum pedocola* sp. nov., isolated from oil-contaminated experimental soil. **Archives of Microbiology,** v. 203, p. 3071-3076, 2021. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s00203-021-02295-6. Acesso em: 11/11/22.

CHO, K. H.; SALYERS, A. A. Biochemical Analysis of Interactions between Outer Membrane Proteins That Contribute to Starch Utilization by *Bacteroides thetaiotaomicron*. **Journal of Bacteriology**, v. 183, n. 24, p. 7224-7230, 2001. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/JB.183.24.7224-7230.2001. Acesso em: 26/01/2023.

CHUNGA, A. P.; LOPESA, A.; NOBREB, F.; MARAISA, P. V. *Hymenobacter perfusus* sp. nov., *Hymenobacter flocculans* sp. nov. and *Hymenobacter metalli* sp. nov. three new species isolated from an uranium mine waste water treatment system. **Systematic and Applied Microbiology,** v. 33, n. 8, p. 436-443. 2010. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0723202010001244?casa_token=3GlpQ6Rlvi4AAAAA:hgmSkJXLz5bB2vxstw1d59hyAmelFArwhvbIUh7tEF5NTD7ODySbp1D6Kh090ttuMt634Yb-zWA. Acesso em: 09/11/22.

CIOFU, O.; MOSER, C.; JENSEN, P.; HOIBY, N. Tolerance and resistance of microbial biofilms. **Nature Reviews Microbiology**, v. 20, p. 621-635, 2022. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41579-022-00682-4. Acesso em: 15/02/2023.

CORDERO, R. R.; DAMIANI, A.; LAROZE, D.; MACDONELL, S.; JORQUERA, J.; SEPÚLVEDA, E.; FERON, S.; LANILLO, P.; LABBE, F.; CARRASCO, J.; FERRER, J.; TORRES, G. Efects of soiling on photovoltaic (PV) modules in the Atacama Desert. **Scientific Reports.** v. 8, p. 1-14. 2018. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41598-018-32291-8.pdf. Acesso em: 17/12/21.

CORDOVEZ, V.; SHOP, S.; HORDIJK, K.; BOULOIS, H. D.; COPPENS, F.; HANSSEN, I.; RAAIJMAKERS, J. M.; CARRION, V. J. Priming of Plant Growth Promotion by Volatiles of Root-Associated *Microbacterium* spp. **Applied and Environmental Microbiology,** v. 84, n. 22. 2018. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/AEM.01865-18. Acesso em: 09/11/22.

CORRAL-LUGO, A.; DE LA TORRE, J.; MATILLA, M. A.; FERNÁNDEZ, M.; MOREL, B.; ESPINOSA-URGEL, M.; KRELL, T. Assessment of the contribution of chemoreceptor-based signalling to biofilm formation. **Environmental Microbiology**, v. 18, n. 10, p. 3355-3372, 2016. Disponível em: https://ami-journals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/1462-2920.13170. Acesso em: 23/01/2023.

CORRASCOSA, C.; RAHEEM, D.; RAMOS, F.; SARAIVA, A.; RAPOSO, A. Microbial Biofilms in the Food Industry - A Comprehensive Review. **International Journal of Environmental Reaserch and Public Health**, v. 18, n. 4, p. 2014-2045. 2021. Disponível em: https://www.mdpi.com/1660-4601/18/4/2014. Acesso em: 15/02/2023.

CORREA-LLANTÉN, D. N.; AMENÁBAR, M. J.; BLAMEY, J. M. Antioxidant capacity of novel pigments from an Antarctic bacterium. **The Journal of Microbiology**, v. 50, p. 374-379. 2012. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s12275-012-2029-1. Acesso em: 07/11/22.

CUI, H. *Halobellus*. **Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria,** p. 1-13, 2015. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/9781118960608.gbm01335. Acesso em: 18/11/22.

CURRY, J. M.; WHALAN, R.; HUNT, D. M.; GOHIL, K.; STROM, M.; RICKMAN, L.; COLSTON, M. J.; SMERDON, S. J.; BUXTON, R. S. An ABC transporter containing a forkhead-associated domain interacts with a serine-threonine protein kinase and is required for growth of *Mycobacterium tuberculosis* in mice. **Infection and Immunity**, v. 73, n. 8, p. 4471-4477, 2005. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16040957/. Acesso em: 12/02/2023.

DADIJI, A. E.; AYANGBENRO, E. S.; BABALOLA, O. O. Shotgun metagenomics reveals the functional diversity of root-associated endophytic microbiomes in maize plant. **Current Plant Biology.** v. 25. 2021. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2214662821000013. Acesso em: 17/12/21.

DATTA, S.; RAJNISH, K. N.; SAMUEL, M. S.; PUGAZLENDHI, A.; SELVARAJAN, E. Metagenomic applications in microbial diversity, bioremediation, pollution monitoring,

enzyme and drug discovery. A review. **Environmental Chemistry Letters.** v. 18, p. 1229–1241. 2020. Disponível em: . Acesso em: 16/11/21.

DAVIDSON, A. L.; DASSA, E.; ORELLE, C.; CHEN, J. Structure, Function, and Evolution of Bacterial ATP-Binding Cassette Systems. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 72, n. 2, p. 317-364, 2008. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/MMBR.00031-07. Acesso em: 27/01/2023.

DE CARVALHO, C. C. C. R. Adaptation of Rhodococcus erythropolis cells for growth and bioremediation under extreme conditions. **Research in Microbiology**, v. 163, p. 125-136, 2012. Disponível em: https: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S092325081100204X. Acesso em: 30/05/2022.

DERR, P.; BODER, E.; GOULIAN, M. Changing the specificity of a bacterial chemoreceptor. **Journal of Molecular Biology**, v. 3, n. 355, p. 923-932, 2006. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16359703/. Acesso em: 23/01/2023.

DHAOUADI, R.; AL-OTHMAN, A.; AIDAN, A. A.; TAWALBEH, M.; ZANNERNI, R. A characterization study for the properties of dust particles collected on photovoltaic (PV) panels in Sharjah, United Arab Emirates. **Renewable Energy,** v. 171, p. 133-140, 2021. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960148121002585?casa_token=ikkJDHtYFvMAAAAA:xHFJmvY5zv8v8A-ORxTZXw1aPec3gr_n_p9rts-OUxfRP6B9vTJd7MlQ9GF6M-7yrudub7-1. Acesso em: 20/02/2023.

DIEDERICH, P.; BRAUN, U.; HEUCHERT, B.; ERTZ, D. Four new lichen-associated Trimmatostroma species (hyphomycetes). **Bulletin de la Société des Naturalistes Luxembourgeois,** v. 111, p. 47-55, 2010. Disponível em: http://www.lichenology.info/pdf/DiederichTrimmatostroma.pdf. Acesso em: 12/08/23.

DISSANAYAKE, A. J.; CAMPORESI, E.; HYDE, K. D.; PHILLIPS, A. J. L.; FU, C. Y.; YAN, J. Y.; LI, X. H. Dothiorella species associated with woody hosts in Italy. **Mycosphere,** v. 7, n. 1, p. 51-63, 2016. Disponível em: https://mycosphere.org/pdf/MYCOSPHERE_7_1_6.pdf. Acesso em: 12/08/23.

DONNELLY, F. C.; PURCELL-MILTON, F.; FRAMONT, V.; CLEARY, O.; DUNNE, P. W.; GUN'KO, Y. K. Synthesis of $CaCO_3$ nano- and micro-particles by dry ice carbonation. **Chemical Communications,** v. 53, p. 6657-6660, 2017. Disponível em: https://pubs.rsc.org/en/content/articlelanding/2017/cc/c7cc01420a. Acesso em: 07/08/2023.

DORADO-MORALES, P.; VILANOVA, C.; PERETÓ, J.; CODOÑER, F. M.; RAMÓN, D.; POCAR, M. A highly diverse, desert-like microbial biocenosis on solar panels in a Mediterranean city. **Scientific Reports.** v. 6, n. 29235, p. 1-9. 2016. Disponível em: https://www.nature.com/articles/srep29235.pdf. Acesso em: 30/11/21.

DYCHALSKA, A.; POPIELARSKI, P.; FRANKOW, W.; FABISIAK, K.; PAPROCKI, K.; SZYBOWICZ, M. Study of CVD diamond layers with amorphous carbon admixture by Raman scattering spectroscopy. **Materials Science-Poland,** 2015. Disponível em: https://sciendo.com/downloadpdf/journals/msp/33/4/article-p799.pdf. Acesso em: 10/03/2023.

ECHAVE, P.; TAMARIT, J.; CABISCOL, E.; ROS, J. Novel antioxidant role of alcohol dehydrogenase E from *Escherichia coli*. **The Journal Of Biological Chemistry,** v. 278, n. 32, p. 30193-30198, 2003. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12783863/. Acesso em: 14/02/2023.

EL-DEEN, S. S.; HASHEM, A. M. ABDEL GHANY, A. E.; INDRIS, S.; EHRENBERG, H.; MAUGER, A.; JULIEN, C. M. Anatase TiO_2 nanoparticles for lithium-ion batteries. **Ionics,** v. 24, p. 2925-2934, 2018. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s11581-017-2425-y. Acesso em: 06/03/2023.

EPE. Matriz Energética e Elétrica. **Empresa de Pesquisa Energética**, 2021. Disponível em: https://www.epe.gov.br/pt/abcdenergia/matriz-energetica-e-eletrica. Acesso em: 11/01/21.

EPE. Matriz Energética e Elétrica. **Empresa Energética Brasileira**. 2021. Disponível em: https://www.epe.gov.br/pt/abcdenergia/matriz-energetica-e-eletrica. Acesso em: 18/01/22.

EUZÉBY J. P.; PARTE A. C. Family *Micrococcaceae*. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN). 2022. Disponível em: https://lpsn.dsmz.de/family/micrococcaceae. Acesso em: 16/11/2022.a

EUZÉBY J. P.; PARTE A. C. Family *Oxalobacteraceae*. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN). 2022. Disponível em: https://lpsn.dsmz.de/family/micrococcaceae. Acesso em: 16/11/2022.c

EUZÉBY J. P.; PARTE A. C. Family *Sphingobacteriaceae*. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN). 2022. Disponível em: https://lpsn.dsmz.de/family/micrococcaceae. Acesso em: 16/11/2022.b

FAHMI, T.; PORT, G. C.; CHO, K. H. c-di-AMP: An Essential Molecule in the Signaling Pathways that Regulate the Viability and Virulence of Gram-Positive Bacteria. **Genes**, v. 8, p. 197-214, 2017. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5575661/. Acesso em: 09/02/2023.

FARIA, D. L. A.; LOPES, F. N. Heated goethite and natural hematite: Can Raman spectroscopy be used to differentiate them?. **Vibrational Spectroscopy,** v. 45, p. 117-121, 2007. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S092420310700063X?casa_token=7Edfv5SvhmoAAAAA:dz4ESIaUtRvGvIO77CuOes_DvE0WMp8NYhl2shrm2mxMeld3q8nXg24unD0YLjqgt4zKRoWkLPE. Acesso em: 27/02/2023.

FERRARI, A. C.; ROBERTSON, J. Interpretation of Raman spectra of disordered and amorphous carbon. **Physical Review B,** v. 61, n. 20, 2000. Disponível em: https://journals.aps.org/prb/abstract/10.1103/PhysRevB.61.14095. Acesso em: 27/02/2023.

FILHO, A. C.; INDA, A. V.; FINK, J. R.; CURI, N. Iron oxides in soils of different lithological origins in Ferriferous Quadrilateral (Minas Gerais, Brazil). **Applied Clay Science,** v. 118, p. 1-7, 2015. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0169131715301010. Acesso em: 07/08/2023.

FLÉCHARD, M.; GILOT, P. Physiological impact of transposable elements encoding DDE transposases in the environmental adaptation of *Streptococcus agalactiae*. **Microbiology,** v. 160, n. 7, p. 1298-1315, 2014. Disponível em:

https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/micro/10.1099/mic.0.077628-0. Acesso em: 13/02/2023.

FLEMMING, H.; WINGENDER, J. The biofilm matrix. **Nature Reviews Microbiology**, v. 8, p. 623-633, 2010. Disponível em: https://www.nature.com/articles/nrmicro2415. Acesso em: 15/02/2023.

FOSSATI, M.; GNECCO, V. M.; GUARDA, E. L. A.; KAMIMURA, A. M.; MIZGIER, M. O. Análise do decaimento de eficiência em painéis fotovoltaicos: estudo de caso em uma edificação residencial de energia positiva. IX ENSUS –Encontro de Sustentabilidade em Projeto (UFSC). 2021. Disponível em: https://repositorio.ufsc.br/bitstream/handle/123456789/228790/52-62.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: 06/12/21.

FRAGA, M. M.; CAMPOS, B. L. O.; ALMEIDA, T. B.; FONSECA, J. M. F.; LINS, V. F. C. Analysis of the soiling effect on the performance of photovoltaic modules on a soccer stadium in Minas Gerais, Brazil. **Solar Energy,** v. 163, p. 387-397, 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0038092X18301518?casa_token=eA2Uxav9opUAAAAA:Z1QybrRGWIq3UQElrrnBm7bNHGAHuDqY0TsnCtuLMg6pvPG3tOywIZdsoVkfhmfeuuBzc4Wsr1Q. Acesso em: 01/03/2023.

FREEMAN, J. J.; WANG, A.; KUEBLER, K.; JOLLIFFM B.; HASKIN, L. Characterization of Natural Feldspars by Raman Spectroscopy for Future Planetary Exploration. **The Canadian Mineralogist,** v. 46, p.1477-1500, 2008. Disponível em: https://rruff.info/orthoclase/display=default/R040055. Acesso em: 27/02/2023.

FROLOV, .I.; VONDRÁK, J.; FERNÁNDEZ-MENDONZA, F.; WILK, K.; KHODOSOVTSEV, A.; HALICI, M. G. Three New, Seemingly-Cryptic Species in the Lichen Genus *Caloplaca* (Teloschistaceae) Distinguished in Two-Phase Phenotype Evaluation. **Annales Botanici Fennici,** v. 53, n. 3-4, p. 243-262, 2016. Disponível em: https://bioone.org/journals/annales-botanici-fennici/volume-53/issue-3%E2%80%934/085.053.0413/Three-New-Seemingly-Cryptic-Species-in-the-Lichen-Genus-iCaloplaca/10.5735/085.053.0413.short. Acesso em: 12/08/23.

FRÖSLER, J.; PANITZ, C.; WINGENDER, J.; FLEMMING, H.; RETTBERG, P. Survival of *Deinococcus geothermalis* in Biofilms under Desiccation and Simulated Space and Martian Conditions. **Astrobiology**, v. 17, n. 5, p. 431-447. 2017. Disponível em: https://www.liebertpub.com/doi/abs/10.1089/ast.2015.1431. Acesso em: 15/02/2023.

FROST, R. L. Raman microscopy of selected chromate minerals. **Journal of Raman Spectroscopy,** v. 35, n. 2, p.153-158, 2004. Disponível em: https://analyticalsciencejournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jrs.1121?casa_token=DdSRKg_OQG0AAAAA:fT5zFiiGFA3YoWXJjIMl-T87bMIyfyccJWJX9CjgiyZB08Y9nTDo0gkfNclDijiRvsAd_8_jQvfSxQ7z. Acesso em: 27/02/2023.

GADD, G. M. Geomicrobiology of the built environment. **Nature Microbiology,** v. 2, n. 16275, 2017. Disponível em: https://www.nature.com/articles/nmicrobiol2016275. Acesso em: 20/08/2023.

GALINETTO, P.; ALBINI, B.; BINI, M.; MOZZATI, M. C. Raman spectroscopy in Zinc Ferrites Nanoparticles. **Raman Spectroscopy,** 2018. Disponível em: https://www.intechopen.com/chapters/58926. Acesso em: 06/03/2023.

GAMBINO, M.; CAPPITELLI, F. Mini-review: Biofilm responses to oxidative stress. **The Journal of Bioadhesion and Biofilm Research**, v. 32, n. 2, p. 167-178, 2016. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/08927014.2015.1134515. Acesso em: 15/02/2023.

GBIF. Global Biodiversity Information Facility. Genus *Batrachochytrium* Longcore, Pessier & D.K.Nichols. 2021. Disponível em: https://www.gbif.org/species/2627502. Acesso em: 24/11/22.

GLASS, B. P.; FRIES, M. Micro-Raman spectroscopic study of fine-grained, shock-metamorphosed rock fragments from the Australasian microtektite layer. **Meteoritics and Planetary Science,** v. 43, p. 1487-1496, 2008. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/j.1945-5100.2008.tb01023.x. Acesso em: 14/02/2023.

GORBUSHINA, A. A. Life on the rocks. **Environmental Microbiology,** v. 9, n. 7, p. 1613-1631, 2007. Disponível em: https://ami-journals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/j.1462-2920.2007.01301.x. Acesso em: 01/03/2023.

GUNDE-CIMERMAN, N.; ZALAR, P.; HOOG, S.; PLEMENITAS, A. Hypersaline waters in salterns – natural ecological niches for halophilic black yeasts. **FEMS Microbiology Ecology,** v. 32, n. 3, p. 235-240, 2000. Disponível em: https://academic.oup.com/femsec/article/32/3/235/585635?login=false. Acesso em: 12/08/23.

GUO, Q.; ZHANG, W.; ZHANG, C.; SONG, Y.; LIAO, Y.; MA, J.; YU, Y.; WANG, H. Characterization of 3-Oxacyl-Acyl Carrier Protein Reductase Homolog Genes in *Pseudomonas aeruginosa* PAO1. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, n. 2, p. 1-12, 2019. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2019.01028/full. Acesso em: 27/01/2023.

HANLON, D. W.; ORDAL, G. W. Cloning and characterization of genes encoding methyl-accepting chemotaxis proteins in *Bacillus subtilis*. **The Journal of Biological Chemistry**, v. 13, n. 269, p. 14038-14046, 1994. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8188684/. Acesso em: 12/02/2023.

HARDCASTLE, F. Raman Spectroscopy of Titania (TiO2) Nanotubular Water-Splitting Catalysts. **Journal of the Arkansas Axcademy Science,** v. 65, n. 9, 2011. Disponível em: https://www.semanticscholar.org/paper/Raman-Spectroscopy-of-Titania-%28TiO2%29-Nanotubular-Hardcastle/be8a7fa9f76e7e6fd141bc217c98ccf1ab620a57. Acesso em: 07/08/2023.

HAY, I. D.; REMMINGHORST, U.; REHM, B. H. MucR, a novel membrane-associated regulator of alginate biosynthesis in *Pseudomonas aeruginosa*. **Applied Environmental Microbiology**, v. 75, p. 1110-1120, 2009. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/AEM.02416-08. Acesso em: 27/01/2023.

HELMANN, J. D. The extracytoplasmic function (ECF) sigma factors. **Advances in Microbial Physiology**, v. 46, p. 47-110, 2002. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12073657/#:~:text=As%20a%20class%2C%20alternative%20sigma,to%20most%20other%20sigma%20factors. Acesso em: 27/01/2023.

HOTTERBEEKX, A.; KUMAR-SINGH, S.; GOOSSENS, H.; MALHOTRA-KUMAR, S. *In vivo* and *In vitro* Interactions between *Pseudomonas aeruginosa* and *Staphylococcus* spp. **Frontiers in Microbiology**, v. 7, n. 106. 2017. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fcimb.2017.00106/full. Acesso em: 15/02/2023.

HOZZEIN, W. N. **Metagenomics: Basics, Methods and Applications.** IntechOpen, 2020. Disponível em: https://www.intechopen.com/chapters/68040. Acesso em: 17/12/21.

HULSBOSCH, N.; THOMAS, R.; BOIRON, M.; DEWAELE, S.; MUCHEZ, P. Direct Observation of Boro-aluminosilicate Melt Compositions: Insights from Raman Spectroscopy of Melt Inclusions in Pegmatitic Tourmaline of the Gatumba-gitarama Area (Rwanda). **The Canadian Mineralogist,** v. 55, n. 3, p. 377-397, 2017. Disponível em: https://pubs.geoscienceworld.org/canmin/article/55/3/377/520514/Direct-Observation-of-Boro-aluminosilicate-Melt?casa_token=YohxY9mK8moAAAAA:krXmpPD27U3htHcIQG5FewtEzcMZCT-vmWg07FscGyx0MJLGZcTJl8raIYQ_hgMv1yJvLeSKmQ. Acesso em: 27/02/2023.

HUNDRÉ, T.; BRÜGGEMANN, H.; BUCHRIESER, C.; HÉCHARD, Y. Transcriptional profiling of *Legionella pneumophila* biofilm cells and the influence of iron on biofilm formation. **Microbiology Society**, v. 154, p. 30-41, 2008. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/micro/10.1099/mic.0.2007/008698-0?crawler=true. Acesso em: 06/02/2023.

HWANG, C. Y.; CHO, E.; YOON, D. J.; SEO, M. *Halobellus ruber* sp. nov., a deep red-pigmented extremely halophilic archaeon isolated from a Korean solar saltern. **Antonie van Leeuwenhoek,** v. 114 p. 997-1011, 2021. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-021-01571-1. Acesso em: 18/11/22.

HYATT, D.; CHEN, G. L.; LOCASCIO, P. F.; LAND, M. L.; LARIMER, F. W.; HAUSER, L. J. Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification. **BMC Bioinformatics**, v. 11, n. 1, p. 1-11, 2010. Disponível em: https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2105-11-119. Acesso em: 11/01/2023.

ILSE, K. K.; FIGGIS, B. W.; NAUMANN, V.; HAGENDORF, C.; BAGDAHN, J. Fundamentals of soiling processes on photovoltaic modules. **Renewable and Sustainable Energy Reviews,** v. 98, p. 239-254, 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1364032118306634?casa_token=iBoILtL6mQgAAAAA:rFoiu7u8F-7NfxSNm7rFEwZU7aq1aGn6iGM6wQ96PHE_mbz7O5AcTiEbKTZebrN6M8OMVxC1P5U. Acesso em: 20/02/2023.

ILSE, K. K.; FIGGIS, B. W.; NAUMANN, V.; HAGENDORF, C.; BAGDAHN, J. Fundamentals of soiling processes on photovoltaic modules. **Renewable and Sustainable Energy Reviews,** v. 98, p. 239-254, 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1364032118306634?casa_token=iBoILtL6mQgAAAAA:rFoiu7u8F-7NfxSNm7rFEwZU7aq1aGn6iGM6wQ96PHE_mbz7O5AcTiEbKTZebrN6M8OMVxC1P5U. Acesso em: 20/02/2023.

JAVED, W.; GUO, B.; FIGGIS, B. Modeling of photovoltaic soiling loss as a function of environmentalvariables. **Solar Energy,** v. 157, p. 397-407, 2017. Disponível em:

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1364032118306634?casa_token=iBoILtL6mQgAAAAA:rFoiu7u8F-7NfxSNm7rFEwZU7aq1aGn6iGM6wQ96PHE_mbz7O5AcTiEbKTZebrN6M8OMVxC1P5U. Acesso em: 20/02/2023.

JESUS, M. A. M. L.; NETO, J. T. S.; TIMÒ, G.; PAIVA, P. R. P.; DANTAS, M. S. S.; FERREIRA, A. M.. Superhydrophilic self-cleaning surfaces based on TiO2 and TiO2/SiO2 composite films for photovoltaic module cover glass. **Applied Adhesion Science,** v. 3, n. 5, p. 1-9, 2015. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1186/s40563-015-0034-4. Acesso em: 10/03/2023.

JESUS, M. A. M. L.; TIMÒ, G.; AGUSTÍN-SÁENZ, C.; BRACERAS, I.; CORNELLI, M.; FERREIRA, A. M.. Anti-soiling coatings for solar cell cover glass: Climate and surface properties influence. **Solar Energy Materials and Solar Cells,** v. 185, p. 517-523, 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0927024818302599?casa_token=M7NUwsGqVKsAAAAA:sekEz32C_-NR0G2ABBIMX3qyPG044qoVjcB4UPzxqz-aZc5SroQzRcqPsUp1pzjbdYsmeRfcrB4. Acesso em: 01/03/2023.

JOBIN, M.; GARMYN, D.; DIVIES, C.; GUZZO, J. Expression of the *Oenococcus oeni* trxA gene is induced by hydrogen peroxide and heat shock. **Microbiology,** v. 145, p. 1245-1251, 1999. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/micro/10.1099/13500872-145-5-1245. Acesso em: 14/02/2023.

KANG, D.; KIRIENKO, N. V. Interdependence between iron acquisition and biofilm formation in *Pseudomonas aeruginosa*. **Journal of Microbiology**, v. 56, p. 449-457, 2018. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s12275-018-8114-3. Acesso em: 05/02/2023.

KATAOKA, M.; ISHIKAWA, K. Complete saccharification of β-glucan using hyperthermophilic endocellulase and β-glucosidase from Pyrococcus furiosus. **Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry**, v. 78, n. 9, p. 1537-1541, 2014. Disponível em: https://academic.oup.com/bbb/article/78/9/1537/5939504?login=false. Acesso em: 17/02/2023.

KAUR, S.; SINGH, S. Biofilm formation by *Aspergillus fumigatus* . **Medical Mycology**, v. 52, n. 1, p. 2-9, 2014. Disponível em: https://academic.oup.com/mmy/article/52/1/2/1005428?login=false. Acesso em: 15/02/2023.

KHAN, Z.; WANG, X.; MOUSSA, T. A. A.; AL-ZAHRANI, H. S.; ALMAGHRABI, O. A.; SUTTON, D. A.; AHMAD, S.; GROENEWALD, J. Z.; ALASTRUEY-IZQUIERDO, A.; AHMED, S. A.; DIEPENINGEN, A. V.; MENKEN, S. B. J.; NAJAFZADEH, M. J.; CROUS, P. W.; CORNELY, O.; HAMPRECHT, A.; VEHRESCHILD, M. J. G. T.; KINDO, A. J.; HOOQ, G. Chaetomium-like fungi causing opportunistic infections in humans: a possible role for extremotolerance. **Fungal Diversity,** v. 76, p. 11-26, 2016. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s13225-015-0338-5#citeas. Acesso em: 12/08/23.

KHARAT, P. B.; SOMVANSHI, S. B.; KOUNSALYE, J. S.; DESHMUKH, S. S.; KHIRADE, P. P.; JADHAV, K. M. Temperature dependent viscosity of cobalt ferrite / ethylene glycol ferrofluids. **AIP Conference Proceedings,** v. 1942, n. 1, 2018. Disponível em: https://aip.scitation.org/doi/abs/10.1063/1.5028675. Acesso em: 06/03/2023.

KIK RAIKHAN, N. H. Biofilm Strategy for the Streptosporangium sp. Survival in Thermo-Induction From 50°C To 75°C. **International Journal of Conservation Science**, v. 10, n. 3, p. 485-492, 2019. Disponível em: https://www.proquest.com/openview/ba6bc955eb76476b435ced2ea9d1335e/1?pq-origsite=gscholar&cbl=5327637. Acesso em: 17/05/2022.

KIM, N.; SON, J. H.; KIM, K.; KIM, H. J.; KIM, Y. J.; SHIN, M.; LEE, J. C. Global regulator DksA modulates virulence of *Acinetobacter baumannii*. **Virulence**, v. 12, n. 1, p. 2750-2763, 2021. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/21505594.2021.1995253. Acesso em: 09/02/2023.

KOPYLOVA, E. ; NOÉ, L..; TOUZET, H. SortMeRNA: fast and accurate filtering of ribosomal RNAs in metatranscriptomic data. **Bioinformatics,** v. 28, n. 24, p. 3211-3217, 2012. Disponível em: . Acesso em: 16/08/23

KOROPATKIN, N. M.; MARTENS, E. C.; GORDON, J. I.; SMITH, T. J. Starch catabolism by a prominent human gut symbiont is directed by the recognition of amylose helices. **Structure**, v. 16, n. 7, p. 1105-1115, 2008. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18611383/. Acesso em: 12/02/2023.

KREWULAK, K. D.; VOLGEL, H. J. Structural biology of bacterial iron uptake. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1778, p. 1781-1804, 2008. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17916327/#:~:text=The%20iron%20sources%20are%20transported,binding%20cassette%20(ABC)%20transporter.. Acesso em: 23/01/2023.

KUMAR, A.; MUKHIA, S.; KUMAR, R. Production, characterisation, and application of exopolysaccharide extracted from a glacier bacterium *Mucilaginibacter sp.* ERMR7:07. **Process Biochemistry,** v. 113, p. 27-36. 2022. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1359511321003883. Acesso em: 09/11/22.

LAI, C.; CRONAN, J. E. Isolation and characterization of beta-ketoacyl-acyl carrier protein reductase (fabG) mutants of *Escherichia coli* and *Salmonella enterica serovar Typhimurium*. **Journal of Bacteriology**, v. 186, n. 6, p. 1869-1878, 2004. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/14996818/. Acesso em: 12/02/2023.

LI, D.; LIU, C.; LUO, R.; SADAKANE, K.; LAM, T. .MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph. **Bioinformatics**, v. 31, n. 10, p. 1674-1676, 2015. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25609793/. Acesso em: 11/01/2023.

LI, J.; SOLHI, L.; GODDARD-BORGER, E. D.; MATHIEU, Y.; WAKARCHUCK, W. W.; WITHERS, S. G.; BRUMER, H. Four cellulose-active lytic polysaccharide monooxygenases from *Cellulomonas* species. **Biotechnology for Biofuels,** v. 14, n. 29, 2021. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1186/s13068-020-01860-3. Acesso em: 11/11/22.

LI, Q.; WANG, B.; ZENG, Y.; CAI, Z.; ZHOU, J. The Microbial Mechanisms of a Novel Photosensitive Material (Treated Rape Pollen) in Anti-Biofilm Process under Marine Environment. **International Journal of Molecular Science,** v. 23, n. 7, p. 3837-3859, 2022. Disponível em: https://www.mdpi.com/1422-0067/23/7/3837/. Acesso em: 12/02/2023.

LI, S.; HIHARA, L. H. Micro-Raman Spectroscopic Study of Marine Atmospheric Corrosion of Carbon Steel: The Effect of Akaganeite. **Journal of The Electrochemical Society,** v. 162, n. 9, 2015. Disponível em: https://iopscience.iop.org/article/10.1149/2.0881509jes. Acesso em: 07/08/2023.

LIN, M.; SHU, J.; HUANG, H.; CHENG, Y. Involvement of Iron in Biofilm Formation by *Staphylococcus aureus*. **PLoS ONE**, v. 7, n. 3, p. 1-7, 2012. Disponível em: https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0034388. Acesso em: 05/02/2023.

LIN, Y.; CHEN, J.; ZOU, X.; LI, Y. Inhibition of *Streptococcus mutans* biofilm formation by strategies targeting the metabolism of exopolysaccharides. **Critical Reviews in Microbiology**, v. 47, n. 5, p. 667-677, 2021. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/1040841X.2021.1915959?casa_token=cTOfpOglZ_oAAAAA%3AAM2AOJAGTM72D_Wr62sQLz_POCfr2rUh7oxDuqXuo_zV0yRmCXYek3OPWtl84d51gv_DbkI1GeFfcjQ1. Acesso em: 15/02/2023.

LIU, C.; LIU, J.; CHEN, Y.; ZHOU, X.; RU, Y.; ZHU, J.; LIU, W.; SUN, D. cAMP and c-di-GMP synergistically support biofilm maintenance through the direct interaction of their effectors. **Nature Communications**, v. 13, n. 1493. 2022. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41467-022-29240-5. Acesso em: 15/02/2023.

LIU, C.; SUN, D.; ZHU, J.; LIU, J.; LIU, W. The Regulation of Bacterial Biofilm Formation by cAMP-CRP: A Mini-Review. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, p. 1-7. 2020. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2020.00802/full. Acesso em: 15/02/2023.

LIU, J.; SHEN, A. H.; ZHANG, Z.; WANG, C.; SHAO, T.. Revisiting Rainbow Lattice Sunstone from the Harts Range, Australia. **The Journal of Gemmology,** v. 36, n. 1, p. 44-52, 2018. Disponível em: https://www.proquest.com/openview/dba84f2b139be94a031abfd02ec28756/1?pq-origsite=gscholar&cbl=2041200. Acesso em: 06/03/2023.

LIU, L.; YU, X.; WU, M.; ZHANG, K.; SHANG, S.; PENG, S.; SONG, W. Improved Tolerance of *Lactiplantibacillus plantarum* in the Presence of Acid by the Heterologous Expression of *trxA* from *Oenococcus oeni*. **Fermentation,** v. 8, n. 9, p. 452-463, 2022. Disponível em: https://www.mdpi.com/2311-5637/8/9/452. Acesso em: 14/02/2023.

LOU, J.; FU, L.; PENG, Y.; ZHOU, L. Metabolites from *Alternaria* Fungi and Their Bioactivities. **Molecules,** v. 18, n. 5, p. 5891-5935, 2013. Disponível em: https://www.mdpi.com/1420-3049/18/5/5891. Acesso em: 22/11/22.

MACHADO, C. T.; MIRANDA, F. S. Energia Solar Fotovoltaica: Uma Breve Revisão. **Revista Virtual de Química**. v. 7, n. 1, p. 126-143. 2015. Disponível em: https://rvq-sub.sbq.org.br/index.php/rvq/article/view/664/508. Acesso em: 11/01/22.

MANAMGODA, D. S.; ROSSMAN, A. Y.; CASTLEBURY, L. A.; CROUS, P. W.; MADRID, H.; CHUKEATIROTE, E.; HYDE, K.D. The genus *Bipolaris*. S**tudies in Mycology,** v. 79, p. 221-288, 2020. Disponível em: https://www.ingentaconnect.com/content/wfbi/sim/2014/00000079/00000001/art00008. Acesso em: 12/08/23.

MAND, T. D.; METCALF, W. W. Energy Conservation and Hydrogenase Function in Methanogenic Archaea, in Particular the Genus *Methanosarcina*. **Microbiology and Molecular Biology Reviews,** v. 83, n. 4, 2019. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/epub/10.1128/MMBR.00020-19. Acesso em: 18/11/22.

MANOBALA, T.; SHUKLA, S. K.; RAO, T. S.; KUMAR, M. D. A new uranium bioremediation approach using radio-tolerant *Deinococcus radiodurans* biofilm. **Journal of Biosciences**, v. 44, n. 122, p. 1537-1541, 2019. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s12038-019-9942-y. Acesso em: 17/02/2023.

MARGESIN, R.; SHIVAJI, S. *Pedobacter*. **Bergey's Manual of Systematic of Archaea and Bacteria**, v. 171, p. 1-17. 2015. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/9781118960608.gbm00360. Acesso em: 01/11/22.

MARIZCURRENA, J. J.; HERRERA, L. M.; COSTÁBILE, A.; MORALES, D.; VILLADÓNIGA, C.; EIZMENDI, A.; DAVYT, D.; CASTRO-SOWINSKI, S. Validating biochemical features at the genome level in the Antarctic bacterium Hymenobacter sp. strain UV11. **FEMS Microbiology Letters,** v. 366, n. 14, p. 1-10. 2019. Disponível em: https://academic.oup.com/femsle/article/366/14/fnz177/5545592?login=false. Acesso em: 09/11/22.

MARTÍN, M.; LLORET, J.; SÁNCHEZ-CONTRERAS, M.; BONILLA, I.; RIVILLA, R. MucR is necessary for galactoglucan production in *Sinorhizobium meliloti* EFB1. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 13, n. 1, p. 129-135, 2000. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10656595/. Acesso em: 12/02/2023.

MARTINS, M. C. B. Aplicações Biotecnológicas de Compostos Obtidos dos Liquens. 2013. 126 f. Tese (especialização) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife. 2013. Disponível em: https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/13281. Acesso em: 12/08/23.

MARTIN-SANCHEZ, P. M.; GEBHARDT, C.; TOEPEL, J.; BARRY, J.; MUNZKE, N.; GÜNSTER, J.; GORBUSHINA, A. A. Monitoring microbial soiling in photovoltaic systems: A qPCR-based approach. **International Biodeterioration and Biodegradation**, v. 129, p. 13-22, 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0964830517313604?casa_token=qOs9Fck0kP8AAAAA:Dd0VHzM8vn5k-YZKVYUBEAyKAw3DtT36jQxhrSdVbj_bmETzWTp1EEqFY4a-9n5U_EQbwxScnDFH. Acesso em: 16/05/2022.

MEJIA, F. A.; KLEISSL, J. Soiling losses for solar photovoltaic systems in California. **Solar Energy,** v. 95, p. 357-363, 2013. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0038092X13002582?casa_token=pOivVfdU8goAAAAA:1-pNxg3HikYPIoEmqZYoA0Ir2acTvq4OuDspuBWAqyyJBoqgHmz_8XSFvsGAAqtOeF37-FbE6v0. Acesso em: 20/02/2023.

MEJIA, F. A.; KLEISSL, J. Soiling losses for solar photovoltaic systems in California. **Solar Energy,** v. 95, p. 357-363, 2013. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0038092X13002582?casa_token=pOivVfdU8goAAAAA:1-

pNxg3HikYPIoEmqZYoA0Ir2acTvq4OuDspuBWAqyyJBoqgHmz_8XSFvsGAAqtOeF37-FbE6v0. Acesso em: 20/02/2023.

MÉNDEZ, C.; SALAS, J. A. The role of ABC transporters in antibiotic-producing organisms: drug secretion and resistance mechanisms. **Research in Microbiology**, v. 152, p. 341-350, 2001. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11421281/. Acesso em: 31/01/2023.

MESLEH, M. F.; RAJARATNAM, P.; CONRAD, M.; CHANDRASEKARAN, V.; LIU, C. M.; PANDYA, B. A.; HWANG, Y. S.; RYE, P. T.; MULDOON, C.; BECKER, B.; ZUEGG, J.; MEUTERMANS, W.; MOY, T. I. Targeting Bacterial Cell Wall Peptidoglycan Synthesis by Inhibition of Glycosyltransferase Activity. **Chemical Biology and Drug Design ,** v. 87, n. 2, p. 190-199, 2016. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26358369/. Acesso em: 14/02/2023.

MIHAILOVSKI, K.; RAJILIC-STOJANOVIC, M.; DIMITRIIEVIC-BRANKOVI, S. Enzymatic hydrolysis of waste bread by newly isolated Hymenobacter sp. CKS3: Statistical optimization and bioethanol production. **Renewable Energy,** v. 152, p. 627-633. 2020. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0960148120301233?casa_token=-TcPfeU5afYAAAAA:8J-B685HGCIvxDDxvn2Y5m1jIxHkBv5mnpiGlcbITd3t7uU5DkwZwW8Kxtv7ckU1L9sdJJEemMo. Acesso em: 09/11/22.

MILLER, L. D.; RUSSEL, M. H.; ALEXANDRE, G. Chapter 3 Diversity in Bacterial Chemotactic Responses and Niche Adaptation. **Advances in Applied Microbiology**, v. 66, p. 53-75, 2009. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0065216408008034. Acesso em: 23/01/2023.

MITRA, A.; PALANIYANDI, S.; HERREN, C. D.; ZHU, X.; MUKHOPADHYAY, S. Pleiotropic Roles of *uvrY* on Biofilm Formation, Motility and Virulence in Uropathogenic *Escherichia coli* CFT073. **PLoS One,** v. 8, n. 2, p. 1-11, 2013. Disponível em: https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0055492. Acesso em: 13/02/2023.

MONGODIN, E. F.; SHAPIR, N.; DAUGHERTY, S. C.; DEBOY, R. T.; EMERSON, J. B.; SHVARTZBEYN, A.; RADUNE, D.; VAMATHEVAN, J.; RIGGS, F.; GRINBERG, V.; KHOURI, H.; WACKETT, L. P.; NELSON, K. E.; SADOWSKY, M. J. Secrets of Soil Survival Revealed by the Genome Sequence of Arthrobacter aurescens TC1. **PLoS Genetics**, v. 2, n. 12, 2006. Disponível em: https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.0020214. Acesso em: 30/05/2022.

MONTAGNAC, G. Raman spectra of some oxide-hydroxide minerals. SSHADE/REAP (OSUG Data Center), 2000. Dataset/Spectral Data. Disponível em: https://www.sshade.eu/data/spectrum/SPECTRUM_GM_20190905_003. Acesso em: 08/08/2023.

MORALEDA-MUÑOZ, A.; PÉREZ, J.; EXTREMERA, A. L.; MUÑOZ-DORADO, J . Differential Regulation of Six Heavy Metal Efflux Systems in the Response of *Myxococcus xanthus* to Copper. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 76, n. 18, p. 6069-6076,

2010. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2937488/. Acesso em: 31/01/2023.

MOURA, J. B.; DELFORNO, T. P.; DO PRADO, P. F.; DUARTE, I. C. Extremophilic taxa predominate in a microbial community of photovoltaic panels in a tropical region. **FEMS Microbiology Letters.** v. 368, n. 16. 2021. Disponível em: https://academic.oup.com/femsle/article/368/16/fnab105/6350555. Acesso em: 22/11/21.

MURRAY, R. G. E.; SCHLEIFER, K. H. Taxonomic notes: a proposal for recording the properties of putative taxa of procaryotes. **International Journal of Systematic Bacteriology,** v. 44, n. 1, p. 174-176, 1994. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/00207713-44-1-174. Acesso em: 18/11/22.

NASKAR, S.; HOHL, M.; TASSINARI, M.; LOW, H. H. The structure and mechanism of the bacterial type II secretion system. **Molecular Microbiology,** v. 115, n. 3, p. 412-424, 2020. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/mmi.14664. Acesso em: 13/02/2023.

NIKAIDO, H. RND transporters in the living world. **Research in Microbiology**, v. 169, n. 7, p. 363-3371, 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0923250818300445. Acesso em: 31/01/2023.

NILSSON, R. H.; LARSSON, K. H.; TAYLOR, A. F. S.; BENGTSSON-PALME, J.; JEPPERSEN, T. S.; SCHIGEL, D.; ... ABARENKOV, K. The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. **Nucleic acids research,** v. 47, n. D1, p. D259-D264, 2019 Disponível em: . Acesso em: 16/08/23.

NOACK-SCHÖNMANN, S.; SPAGINA, O.; GRÜNDERB, K. P.; BREITHAUPTB, M.; GÜNTERB, B.; MUSCHIKB, B.; GORBUSHINA, A.A. Sub-aerial biofilms as blockers of solar radiation: spectral properties as tools to characterise material-relevant microbial growth. **International biodeterioration and biodegradation**, v. 86, p. 286-293, 2014. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0964830513003442?casa_token=M2qAHk2ZyZ4AAAAA:UtG8xnHmM5MF-i4Dbj5r8sx8QfdKLsMQBIowokXQuAEhhwJWzoCTJ0AN4YME-NURYpAVaqEOtSvj. Acesso em: 16/05/2022.

NOINAJ, N.; GUILLIER, M.; BARNARD, T. J.; BUCHANAN, S. K. TonB-dependent transporters: regulation, structure, and function. **Annual Review of Microbiology,** v. 64, p. 43-60, 2011. Disponível em: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3108441/. Acesso em: 12/02/2023.

O'SHEA, M. J.; VIGLIATURO, R.; CHOI, J. K.; MCKEON, T. P.; KREKELER, M. P. S.; GIERÉ, R. Alteration of yellow traffic paint in simulated environmental and biological fluids. **Science of The Total Environment,** v. 750, n. 141202, p. 1-12, 2021. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969720347318?casa_token=d1qUV1zAwtAAAAAA:MU7Rflg0RrGBIEaSHs2VhId3jGZJpu7nVgXk1dTLctoACaYCkEVKBZ6MkpdwUUVRITK_ri4Zsbc. Acesso em: 27/02/2023.

OEHL, F.; SOUZA, F. A.; SIEVERDING, E. Revision of Scutellospora and description of five new genera and three new families in the arbuscular mycorrhiza-forming Glomeromycetes. **Mycotaxon,** v. 106, n. 1, p. 311-360, 2008. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Francisco-De-Souza-2/publication/228885646_Revision_of_Scutellospora_and_description_of_five_new_genera_and_three_new_families_in_the_arbuscular_mycorrhiza-forming_Glomeromycetes/links/00b4951504945388f2000000/Revision-of-Scutellospora-and-description-of-five-new-genera-and-three-new-families-in-the-arbuscular-mycorrhiza-forming-Glomeromycetes.pdf. Acesso em: 09/08/23.

OJHA, A.; HATFULL, G. F. The role of iron in Mycobacterium smegmatis biofilm formation: the exochelin siderophore is essential in limiting iron conditions for biofilm formation but not for planktonic growth. **Molucular Microbiology**, v. 66, n. 2, p. 468-483, 2007. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/j.1365-2958.2007.05935.x. Acesso em: 06/02/2023.

OLIVEIRA, F.; ROHDE, H.; VILANOVA, M.; CERCA, N. The Emerging Role of Iron Acquisition in Biofilm-Associated Infections. **Trends in Microbiology**, v. 29, n. 9, p. 772-775, 2021. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0966842X21000457. Acesso em: 06/02/2023.

OSTROUMOV, M.; FAULQUES, E.; LOUNEJEVA, E. Raman spectroscopy of natural silica in Chicxulub impactite, MexicoSpectroscopie Raman de silices naturelles dans l'impactite de Chicxulub, Mexique. **Comptes Rendus Geoscience,** v. 334, n. 1, p. 21-26, 2002. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1631071302017005. Acesso em: 27/02/2023.

OULAS, A.; PAVLOUDI, C.; POLYMENAKOU, P.; PAVLOPOULOS, G. A.; PAPANIKOLAOU, N.; KOTOULAS, G.; ARVANITIDIS, C.; ILIOPOULOS, I. Metagenomics: Tools and Insights for Analyzing Next-Generation Sequencing Data Derived from Biodiversity Studies. **Bioinformatics and Biology Insights.** v. 9, p. 75-88. 2015. Disponível em: https://journals.sagepub.com/doi/pdf/10.4137/BBI.S12462. Acesso em: 17/12/21.

PACELLI, C.; CASSARO, A.; MATURILLI, A.; TIMPERIO, A. M.; GEVI, F.; CAVALAZZI, B.; STEFAN, M.; GHICA, D.; ONOFRI, S. Multidisciplinary characterization of melanin pigments from the black fungus *Cryomyces antarcticus*. **Applied Microbiology and Biotechnology,** v. 104, p. 6385–6395, 2020. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-020-10666-0. Acesso em: 21/11/22.

PADOAN, F. C. S. M.; ALTIMARI, P.; PAGNANELLI, F. Recycling of end of life photovoltaic panels: A chemical prospective on process development. **Solar Energy.** v. 177, p. 746-761. 2019. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0038092X18311794?casa_token=My5yljuwfJcAAAAA:JbkR7s0RmIulpQFeL3wfh5Qxhlmd4eUqO7dA5LRWk4lMa36DIJNZXeUH8_ZAMn5KoHbbbuoU0MR1. Acesso em: 28/12/21.

PAN, X.; LI, S.; LI, Y.; GUO, P.; ZHAO, X.; CAI, Y. Resource, characteristic, purification and application of quartz: a review. **Minerals Engineering,** v. 183, n. 107600, p. 1-20, 2022. Disponível em:

https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0892687522002102?casa_token=gf15YIYt650AAAAA:PGti-VtmC0Ej5Kw3m14-N7AWoObmP12V4ljJ6zdX3kGBxAsuAH9qyZfTc0DnEZe56dQkzvnjgu0. Acesso em: 27/02/2023.

PANKRATOV, T. A.; TINDALL, B. J.; LIESACK, W.; DEDYSH, S. N. Mucilaginibacter paludis gen. nov., sp. nov. and Mucilaginibacter gracilis sp. nov., pectin-, xylanand laminarin-degrading members of the family Sphingobacteriaceae from acidic Sphagnum peat bog. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 57, p. 2349-2354. 2007. Disponível em:https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.65100-0. Acesso em: 28/10/22.

PARRILLI, E.; TUTINO, M. L.; MARINO, G. Biofilm as an adaptation strategy to extreme conditions. **Rendiconti Lincei. Scienze Fisiche e Natural**, v. 33, p. 527-536. 2022. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s12210-022-01083-8. Acesso em: 15/02/2023.

PÁTEK, M.; GRULICH, M.; NESVERA, J. Stress response in Rhodococcus strains. **Biotechnology Advances**, v. 53, 2021. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33515672/. Acesso em: 30/05/2022.

PATRIARCA, A.; VAAMONDE, G.; PINTO, V. F. *Alternaria*. **Encyclopedia of Food Microbiology,** v. 2, p. 54-60, 2014. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780123847300000070?via%3Dihub. Acesso em: 22/11/22.

PERVEZ, M. T.; HASNAIN, M. J.; ABBAS, S. H.; MOUSTAFA, M. F.; ASLAM, N.; SHAH, S. S. M. A Comprehensive Review of Performance of Next-Generation Sequencing Platforms. **BioMed Research International,** p. 1-12, 2022. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36212714/. Acesso em: 08/03/2023.

PIMENTEL, I. C.; FIGURA, G.; AUER, C. G. Fungos endofíticos associados a acículas de Pinus taeda. **Summa Phytopathologica,** v. 36, n. 1, p. 85-88, 2010. Disponível em: https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/886045/fungos-endofiticos-associados-a-aciculas-de-pinus-taeda. Acesso em: 09/08/23.

PLANES, E.; YRIEIX, B.; BAS, C.; FLANDIN, L. Chemical degradation of the encapsulation system in flexible PV panel as revealed by infrared and Raman microscopies. **Solar Energy Materials & Solar Cells,** v. 122, p. 15-23, 2014. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0927024813005540?casa_token=ADKQKqCXWRwAAAAA:fYtf2UgWj-3kz5QF-xiK7h4BtDRPstvfe-xd9tnUiYfMjEqBqOqAsA_TYzn7neQPArkKj9jc. Acesso em: 17/02/2023.

PLOTNIKOVA, E. G.; YASTREBOVA, O. V.; ANAN'INA, L. N.; DOROFEEVA, L. V.; LYSANSKAYA, V. Ya.; DEMAKOV, V. A. Halotolerant bacteria of the genus *Arthrobacter* degrading polycyclic aromatic hydrocarbons. **Russian Journal of Ecology**, v. 42, n. 6, p. 502-509. 2011. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1134/S1067413611060130. Acesso em: 07/03/22.

PORCAR, M.; LOUIE, K. B.; KOSINA, S. M. VAN GOETHEM, M. W.; BOWEN, B. P.; TANNER, K.; NORTHEN, T. R. Microbial Ecology on Solar Panels in Berkeley, CA, United States. **Frontiers in Microbiology.** n. 9, p. 3043. 2018. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2018.03043/full. Acesso em: 22/11/21.

PORTER, J. K.; MCNAUGHTON, N. J.; EVANS, N. J.; MCDONALD, B. J. Rutile as a pathfinder for metals exploration. **Ore Geology Reviews,** v. 120, p. 1-22, 2020. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0169136819306699?casa_token=SG6lYasz5iUAAAAA:OovLnwO1j3mCDtpy8IlQ8BHvx434ukgM_8yNXoOrtbPfQVKgD5_wLk6Y3WHAGMHwtq8Rs7gGXYU. Acesso em: 27/02/2023.

PORTO, E.; SUSKI, C. Influência dos elementos meteorológicos na eficiência da geração de energia elétrica em células fotovoltaicas. **Estrabão.** v. 2, p. 223-229. 2021. Disponível em: https://estrabao.press/ojs8/index.php/estrabao/article/view/53/62. Acesso em: 27/12/21.

PRIM, S. R.; FOLGUERAS, M. V.; LIMA, M. A.; HOTZAB, D. Synthesis and characterization of hematite pigment obtained from a steel waste industry. **Journal of Hazardous Materials,** v. 192, n. 3, p. 1307-1313, 2011. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304389411007965?casa_token=d3IX4omjH80AAAAA:u9uYz0_D-lcGCsN2EQUAoWVg05JJtNq4ynvnPofBJKf7zPxZnsYKW5ZAy1p5QdTCBI3SEQg6WWU. Acesso em: 27/02/2023.

PUENTE-SÁNCHEZ, F.; GARCÍA-GARCÍA, N.; TAMAMES, J. SQMtools: automated processing and visual analysis of 'omics data with R and anvi'o. **BMC Bioinformatics**, v. 21, n. 358, p. 1-11, 2020. Disponível em: https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-020-03703-2#Sec2. Acesso em: 24/10/2022.

QIN, H.; HE, Y.; XU, P.; HUANG, D.; WANG, Z.; WANG, H.; WANG, Z.; ZHAO, Y.; TIAN, Q.; WANG, C. Spinel ferrites (MFe_2O_4): Synthesis, improvement and catalytic application in environment and energy field. **Advances in Colloid and Interface Science,** v. 294, n. 102486, 2021. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0001868621001275?casa_token=HeH9QYZX9Q8AAAAA:8aFDTtTQHRwq3Qw8gq3wJSYV08odzZGiSjFvxdslR7clv0m4clMnqdR5TeCE1B7B9Z38Nkp-WfE. Acesso em: 07/03/2023.

RAINA, S.; MISSIAKAS, D.; GEORGOPOULOS, C. The rpoE gene encoding the GE (9724) heat shock sigma factor of *Escherichia coli*. **The EMBO Journal**, v. 14, n. 5, p. 1043-1055, 1995. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7889935/. Acesso em: 27/01/2023.

RAINEY, K.; MICHALEK, S. M.; WEN, Z. T.; WU, H. Glycosyltransferase-Mediated Biofilm Matrix Dynamics and Virulence of *Streptococcus mutans*. **Applied and Environmental Microbiology,** v. 85, n. 5, 2019. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/AEM.02247-18. Acesso em: 14/02/2023.

RAMOS, H. P.; BRAUN, G. H.; PUPO, M. T.; SAID, S. Antimicrobial activity from endophytic fungi Arthrinium state of Apiospora montagnei Sacc. and Papulaspora immersa. **Brazilian Archives of Biology and Technology,** v. 53, n. 3, p. 629-632, 2010. Disponível em: https://www.scielo.br/j/babt/a/jvLR4wnR9V6pJYBDXK7k5Jd/?lang=en. Acesso em: 12/08/23.

RAMPELOTTO, P. H. Extremophiles and Extreme Environments. **Life**, v. 3, p. 482-485, 2013. Disponível em: https://www.mdpi.com/2075-1729/3/3/482. Acesso em: 31/03/22.

RAVCHEEV, D. A.; KHOROSHKIN, M. S.; LAIKOVA, O. N.; TSOY, O. V.; SERNOVA, N. V.; PETROVA, S. A.; RAKHMANINOVA, A. B.; NOVICHKOV, P. S.; GELFAND, M.

S.; RODIONOV, D. A. Comparative genomics and evolution of regulons of the LacI-family transcription factors. **Frontiers in Microbiology**, v. 5, p. 1-32, 2014. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2014.00294/full. Acesso em: 30/01/2023.

REIS-MANSUR, M. P. P. P.; CARDOSO-RURR, J. S.; SILVA, J. V. M. A.; SOUZA, G. R.; CARDOSO, V. S.; MANSOLDO, F. R. P.; PINHEIRO, Y.; SCHULTZ, J.; BALOTTIN, L. B. L.; SILVA, A. J. R.; LAGE, C.; SANTOS, E. P.; ROSADO, A. S.; VERMELHO, A. B. Carotenoids from UV-resistant Antarctic *Microbacterium sp*. LEMMJ01. **Scientific Reports,** v. 9, p. 9554-9568. 2019. Disponível em: https://www.nature.com/articles/s41598-019-45840-6. Acesso em: 09/11/22.

RICE, P. A.; BAKER, T. A. Comparative architecture of transposase and integrase complexes. **Nature Structural and Molecular Biology,** v. 8, p. 302-307, 2001. Disponível em: https://www.nature.com/articles/nsb0401_302. Acesso em: 14/02/2023.

RÖMLING, U.; BALSALOBRE, C. Biofilm infections, their resilience to therapy and innovative treatment strategies. **Journal of Internal Medicine**, v. 272, p. 541-561, 2012. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/joim.12004. Acesso em: 08/02/2023.

ROSSMAN, A. Y.; PALM, M. E. Why are Phytophthora and other Oomycota not true Fungi?. **Outlooks on Pest Management,** v. 17, p. 217–219, 2006. Disponível em: https://www.apsnet.org/edcenter/apsnetfeatures/Pages/Phytophthora.aspx. Acesso em: 30/11/22.

SALTA, M.; WHARTON, J. A.; BLACHE, Y.; STOKES, K. R.; BRIAND, J. Marine biofilms on artificial surfaces: structure and dynamics. **Applied Microbial International**, v. 15, n. 11, p. 2879-2893. 2013. Disponível em: https://ami-journals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/1462-2920.12186. Acesso em: 15/02/2023.

SANGIOVANNI, M.; GRANATA, I.; THIND, A. S.; GUARRACINO, M. R.. From trash to treasure: detecting unexpected contamination in unmapped NGS data. **BMC Bioinformatics**, v. 20, n. 168, 2019. Disponível em: https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-019-2684-x. Acesso em: 10/11/2022.

SATARI, L.; IGLESIAS, A.; PORCAR, M. The Microbiome of Things: Appliances, Machines, and Devices Hosting Artificial Niche-Adapted Microbial Communities. **Microrganisms,** v. 11, n. 6, p. 1507–1522, 2023. Disponível em: https://www.mdpi.com/2076-2607/11/6/1507. Acesso em: 20/08/2023.

SCHUSSLER, A.; MOLLENHAUER, D.; SCHNEPF, E.; KLUGE, M. *Geosiphon pyriforme*, an endosymbiotic association of fungus and cyanobacteria: the spore structure resembles that of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi. **Plant Biology,** v. 107, p. 36-45, 1994. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1438-8677.1994.tb00406.x. Acesso em: 09/08/23.

SEDJOAH, R. A. Next-Generation Sequence: A Review on Metagenomic Approach to Discovery of Novel Enzymes from the Soil Environment. **Asian Journal of Biotechnology and Bioresource Technology.** v. 7, n. 1, p. 10-19. 2021. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/350587688_Next-

Generation_Sequence_A_Review_on_Metagenomic_Approach_to_Discovery_of_Novel_Enzymes_from_the_Soil_Environment. Acesso em: 16/11/21.

SEDLÁCEK, I.; PANTUCEK, R.; KRÁLOVÁ, S.; MASLANOVÁ, I.; HOLOCHOVÁ, P.; STANKOVÁ, E.; VRBOVSKÁ, V.; SVEC, P.; BUSSE, H. *Hymenobacter amundsenii* sp. nov. resistant to ultraviolet radiation, isolated from regoliths in Antarctica. **Systematic and Applied Microbiology,** v. 42, n. 3, p. 284-290. 2019. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0723202018300596?casa_token=gjs8wMZSQUUAAAAA:0u-ATwCfJbmE1R96dtG8A-CJ1AORm1dSfvRrms0OqwJTIO6kynAqaHsQt41eHA6NEjCudDJqOsA. Acesso em: 09/11/22.

SENEVIRATNE, G.; ZAVAHIR, J. S.; BANDARA, W. M. M. S.; WEERASEKARA, M. L. M. A. W. Fungal-bacterial biofilms: their development for novel biotechnological applications. **World Journal of Microbiology and Biotechnology,** v. 24, p. 739-743, 2008. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s11274-007-9539-8. Acesso em: 09/08/23.

SHARMA, G.; SHARMA, S.; SHARMA, P.; CHANDOLA, D.; DANG, S.; GUPTA, S.; GABRANI, R. *Escherichia coli* biofilm: development and therapeutic strategies. **Journal of Applied Microbiology**, v. 121, n. 2, p. 309-319, 2016. Disponível em: https://academic.oup.com/jambio/article/121/2/309/6717028?login=false. Acesso em: 15/02/2023.

SHARMA, I. M.; PETCHIAPPAN, A.; CHATTERJI, D. Quorum sensing and biofilm formation in mycobacteria: Role of c-di-GMP and methods to study this second messenger. **IUBMB Life**, v. 66, n. 12, p. 823-834. 2014. Disponível em: https://iubmb.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/iub.1339. Acesso em: 15/02/2023.

SHIRAKAWA, M. A.; ZILLES, R.; MOCELIN, A.;GAYLARD, C. C.; GORBUSHINA, A.; HEIDRICH, G.; GIUDICE, M. C.; DEL NEGRO, G. M. B.; JOHN, V. M. Microbial colonization affects the efficiency of photovoltaic panels in a tropical environment. **Journal of Environmental Manegement.** v. 157, p. 160-167. 2015. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0301479715001875?casa_token=DZ3K1O4Lu7sAAAAA:kpsweznoVU6NkFh-dQPGlDX-ZaMymqLPniPP9GsPUW2LcC-yBo9e72kUPhAFf0vHX1aWk9hKyolz0w. Acesso em: 17/12/21.

SHIROUZU, T.; HIROSE, D.; OBERWINKLER, F.; SHIMOMURA, N.; MAEKAWA, N.; TOKUMASU, S. Combined molecular and morphological data for improving phylogenetic hypothesis in Dacrymycetes. **Mycologia,** v. 105, n. 5, p. 1110-1125, 2013. Disponível em: https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.3852/12-147. Acesso em: 12/08/23.

SKERKER, J. M.; PRASOL, M. S.; PERCHUK, B. S.; BIONDI, E. G.; LAUB, M. T. Two-component signal transduction pathways regulating growth and cell cycle progression in a bacterium: a system-level analysis. **PLoS Biology**, v. 3, n. 10, p. 334-354, 2005. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16176121/. Acesso em: 23/01/2023.

SOLANO, C.; ECHEVERZ, M; LASA, I. Biofilm dispersion and quorum sensing. **Current Opinion in Microbiology**, v. 18, p. 96-104, 2014. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24657330/. Acesso em: 31/01/2023.

SON, J.; LEE, H.; KIM, M.; KIM, D.; KA, J. *Massilia aromaticivorans* sp. nov., a BTEX Degrading Bacterium Isolated from Arctic Soil. **Current Microbiology**, v. 78, p. 2143-2150.

2021. Disponível em: https://link.springer.com/article/10.1007/s00284-021-02379-y. Acesso em: 08/11/22.

SPRIBILLE, T.; RESL, P.; STANTON, D. E.; TAGIRDZHANOVA, G. Evolutionary biology of lichen symbioses. **New Phytologist,** v. 234, p. 1541-1543, 2022. Disponível em: https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/nph.18048. Acesso em: 12/08/23.

SRANA, K. S.; BISHTB, B.; MAYILRAJB, S.; CHOUDHURY, A. R. Structural characterization and antioxidant potential of a novel anionic exopolysaccharide produced by marine Microbacterium aurantiacum FSW-25. **International Journal of Biological Macromolecules,** v. 131, p. 343-352. 2019. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0141813019308360?casa_token=uuwqcimayD8AAAAA:YhJNhOjIgk_uUUWzPMb4Gvit-bTMKcIox_pxNy8zJ-HDLaL-ejXy7mr_95TT_mcbXQHpYunNfa0. Acesso em: 09/11/22.

SRINIVASAN, R.; SANTHAKUMARI, S.; POONGUZHALI, P.; GEETHA, M.; DYAVAIAH, M.; XIANGMIN, L. Bacterial Biofilm Inhibition: A Focused Review on Recent Therapeutic Strategies for Combating the Biofilm Mediated Infections. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 1-19, 2021. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2021.676458/full. Acesso em: 15/02/2023.

STACKEBRANDT, E.; SCHUMANN, F. P. *Cellulomonas*. **Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria,** p. 1-14. 2015. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/9781118960608.gbm00063. Acesso em: 11/11/22.

STEVENSON, G.; ANDRIANOPOULOS, K.; HOBBS, M.; REEVES, P. R. Organization of the Escherichia coli K-12 gene cluster responsible for production of the extracellular polysaccharide colanic acid. **Journal of Bacteriology**, v. 178, n. 16, p. 4885-4893, 1996. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8759852/. Acesso em: 09/02/2023.

STOICA, P.; CHIFIRIUC, M. C.; RAPA, M.; LAZAR, V. Overview of biofilm-related problems in medical devices. **Biofilms and Implantable Medical Devices**, p. 3-23, 2017. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780081003824000010. Acesso em: 15/02/2023.

STURGILL, G.; TOUTAIN, C. M.; KOMPERDA, J.; O'TOOLE, G. A.; RATHER, P. N. Role of CysE in Production of an Extracellular Signaling Molecule in *Providencia stuartii* and *Escherichia coli*: Loss of *cysE* Enhances Biofilm Formation in *Escherichia coli*. **Journal of Bacteriology,** v. 186, n. 22, p. 7610-7617, 2004. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/epub/10.1128/JB.186.22.7610-7617.2004. Acesso em: 13/02/2023.

STÜRMER, S. L.; KEMMELMEIER, K. The Glomeromycota in the Neotropics. **Frontiers in Microbiology,** v. 11, p. 217–219, 2020. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2020.553679/full. Acesso em: 30/11/22.

SUBAN, S.; SENDERSKY, E.; GOLDEN, S. S.; SCHWARZ, R. Impairment of a cyanobacterial glycosyltransferase that modifies a pilin results in biofilm development. **Environmental Microbiology Reports,** v. 14, n. 2, p. 218-229, 2022. Disponível em: https://ami-journals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/1758-2229.13050. Acesso em: 14/02/2023.

SWATHY, R.; RAMBABU, K.; BANAT, F.; HO, S.; CHU, D.; SHOW, P. L. Production andoptimization of high gradecellulase from waste date seeds by Cellulomonas uda NCIM 2353 for biohydrogen production. **International Journal of Hydrogen Energy,** v. 45, p. 22260-22270, 2020. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0360319919324711?casa_token=8Bos5qYMZBkAAAAA:DGtIsu0ryzf7raklvmQzqhpAhHFGRJXxXA1kDjmNjNIg7AmDORLtIn4ef6vdQU8xLLQpP_iYpek. Acesso em: 11/11/22.

TAMAMES, J.; PUENTE-SÁNCHEZ, F. SqueezeMeta, A Highly Portable, Fully Automatic Metagenomic Analysis Pipeline. **Frontiers in Microbiology**, v. 9, p. 1-10, 2019. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2018.03349/full. Acesso em: 21/10/2022.

TANNER, K.; MARTÍ, J. M.; BELLIURE, J.; FERNANDEZ-MENDEZ, M.; MOLINA-MENOR, E.; PERETÓ, J.; PORCAR, M. Polar Solar Panels: Artic and Antartic microbiomes display similar taxonomic profiles. **Envirolmental microbiology reports.** v. 10, n. 1, p. 75-79. 2018. Disponível em: https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/1758-2229.12608. Acesso em: 15/01/21.

TANNER, K.; MOLINA-MENOR, E.; LATORRE-PÉREZ, A.; VIDAL-VERDÍ, À.; VILANOVA, C.; PERETÓ, J.; PORCAR, M. Extremophilic microbial communities on photovoltaic panel surface: a two-year study. **Microbial Biotechnology.** v. 13, n. 6, p. 1819-1830. 2020. Disponível em: https://sfamjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/1751-7915.13620. Acesso em: 22/11/21.

TANNER, K.; MORTORELL, P.; GENOVÉS, S.; RAMÓN, D.; ZACARÍAS, L.; RODRIGO, M. J.; PERETÓ, J.; PORCAR, M. Bioprospecting the Solar Panel Microbiome: High-Throughput Screening for Antioxidant Bacteria in a *Caenorhabditis elegans* Model. **Frontiers in Microbiology.** v. 10, n. 986. 2019. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2019.00986/full. Acesso em: 30/11/21.

TOLKER-NIELSEN, T. **Chapter 3: Biofilm Development**. Microbial Biofilm, second edition, p. 51-66, 2015. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1128/9781555817466.ch3. Acesso em: 15/02/2023.

TOLMASQUIM, M. T. **Energia Renovável: Hidráulica, Biomassa, Éolica, Solar, Oceânica.** EPE (Empresa de Pesquisa Energética): Rio de Janeiro, 2016. Disponível em: https://www.epe.gov.br/sites-pt/publicacoes-dados-abertos/publicacoes/PublicacoesArquivos/publicacao-172/Energia%20Renov%C3%A1vel%20-%20Online%2016maio2016.pdf. Acesso em: 27/12/21.

TONHOLI, F. Ciclo de vida de painéis fotovoltaicos: recuperação do vidro como alternativa ao descarte. 2021. Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Processos Químicos e Bioquímicos) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, 2021. Disponível em: http://repositorio.utfpr.edu.br/jspui/bitstream/1/26281/1/paineisfotovoltaicosvidrosreciclagem.pdf. Acesso em: 06/12/21.

UNIPROT. UniProt: the universal protein knowledgebase in 2021.What are UniProtKB's criteria for defining a CDS as a protein?. 2022. Disponível em: https://www.uniprot.org/help/cds_protein_definition. Acesso em: 10/11/2022.

URAI, M.; YOSHIZAKI, H.; ANZAI, H.; OGIHARA, J.; IWABUCHI, N.; HARAYAMA, S.; SUNAIRI, M.; NAKAJIMA, M. Structural analysis of mucoidan, an acidic extracellular polysaccharide produced by a pristane-assimilating marine bacterium, Rhodococcus erythropolis PR4. **Carbohydrate Research,** v. 342, p. 927–932, 2007. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0008621507000663. Acesso em: 30/05/22.

VIANA, A. T.; CAETANO, T.; COVAS, C.; SANTOS, T.; MENDO, S. Environmental superbugs: The case study of Pedobacter spp.. **Environmental Pollution**, v. 241, p. 1048-1055. 2018. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0269749118319663?casa_token=n0MjiFxCZc4AAAAA:xdlohW53mkfL2ZaUVCwoyLZ7a1XfAW-71w6MHM57KPk3TSQNj43UGAqhrgPJ7aHX8gXtL0Q1wSEV. Acesso em: 07/11/22.

VRIEZE, J.; HENNEBEL, T.; BOON, N.; VERSTRAETE, W. Methanosarcina: The rediscovered methanogen for heavy duty biomethanation. **Bioresource Technology,** v. 112 p. 1-9, 2012. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0960852412003306. Acesso em: 18/11/22.

WALSH, L. J. Novel Approaches to Detect and Treat Biofilms within the Root Canals of Teeth: A Review. **Antibiotics**, v. 9, n. 3, p. 129-140. 2020. Disponível em: https://www.mdpi.com/2079-6382/9/3/129. Acesso em: 15/02/2023.

WANG, A.; FREEMAN, J. J.; JOLLIFF, B. L. Understanding the Raman spectral features of phyllosilicates. **Journal of Raman Spectroscopy,** v. 46, n. 10, p. 829-845, 2015. Disponível em: https://analyticalsciencejournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/jrs.4680. Acesso em: 07/08/2023.

WANG, H.; ZHANG, X.; WANG, S.; ZHAO, B.; LOU, K.; XING, X. Massilia violaceinigra sp. nov., a novel purple-pigmented bacterium isolated from glacier permafrost. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 68, p. 2271-2278. 2018. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002826. Acesso em: 08/11/22.

WANG, P.; JIA, S.; LIU, G.; CHI, Z.; CHI, Z. *Aureobasidium* spp. and their applications in biotechnology. **Process Biochemistry,** v. 116, p. 72-83, 2022. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1359511322000873?casa_token=aEWH5hyHo1AAAAAA:9iG0GKBUmPRB0SkxcGLMk1n5Ge_FMcpl-mBDYjYANo89NjFFePPJtI7SSrY_2IW3oG-uVQtumKQ. Acesso em: 21/11/22.

WEI, Q.; MA, L. Z. Biofilm Matrix and Its Regulation in *Pseudomonas aeruginosa*. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 14, n. 10, p. 20983-21005. 2013. Disponível em: https://www.mdpi.com/1422-0067/14/10/20983. Acesso em: 15/02/2023.

WEI, Y.; WANG, B.; ZHANG, L.; ZHANG, J.; CHEN, S. Pedobacter yulinensis sp. nov., isolated from sandy soil, and emended description of the genus Pedobacter. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 68, p. 2523-2529. 2018. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.002868. Acesso em: 07/11/22.

WHITELEY, C. G.; LEE, D. Bacterial diguanylate cyclases: Structure, function and mechanism in exopolysaccharide biofilm development. **Biotechnology Advances**, v. 33, n. 1, p. 124-141, 2015. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25499693/. Acesso em: 27/01/2023.

WILSON, R. L.; STAUFFER, G. V. DNA sequence and characterization of GcvA, a LysR family regulatory protein for the Escherichia coli glycine cleavage enzyme system. **Journal of Bacteriology,** v. 176, n. 10, p. 2862-2868, 1994. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8188587/. Acesso em: 12/02/2023.

WU, Q.; SRIVASTAVA, A. K.; ZOU, Y. AMF-induced tolerance to drought stress in citrus: A review. **Scientia Horticulturae,** v. 164, p. 77-87, 2013. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S030442381300469X. Acesso em: 09/08/23.

WU, Y.; OUTTEN, F. W. IscR Controls Iron-Dependent Biofilm Formation in *Escherichia coli* by Regulating Type I Fimbria Expression. **Journal of Bacteriology**, v. 191, n. 4, p. 1248-1257, 2009. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/epub/10.1128/JB.01086-08. Acesso em: 06/02/2023.

XUE, Z.; ZHAO, S.; BOLD, N.; ZHANG, J.; HU, Z.; HU, X.; GAO, Y.; CHEN, S.; WEI, Y. Screening and Characterization of Two Extracellular Polysaccharide-Producing Bacteria from the Biocrust of the Mu Us Desert. **Molecules**, v. 26, n. 18, p. 5521-5536. 2021. Disponível em: https://www.mdpi.com/1420-3049/26/18/5521. Acesso em: 07/11/22.

YAN, Y.; HAO, Y.; HE, R.; DU, Z. *Mucilaginibacter gilvus sp*. nov., isolated from Antarctic soil. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology,** v. 69, p. 3885-3890. 2019. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.003702. Acesso em: 09/11/22.

YANG, E.; ZHAO, M.; LI, S.; WANG, Y.; SUN, L.; LIU, J.; WANG, W. Massilia atriviolacea sp. nov., a dark purple-pigmented bacterium isolated from soil. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 69, p. 2135-2141. 2019. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.003449. Acesso em: 08/11/22.

YIN, W,; WANG, Y.; LIU, L.; HE, J. Biofilms: The Microbial "Protective Clothing" in Extreme Environments. **International Journal of Molecular Science**, v. 20, n. 14, p. 3423-3441, 2019. Disponível em: https://www.mdpi.com/1422-0067/20/14/3423. Acesso em: 15/02/2023.

ZHANG, J.; ZHOU, P.; LIU, J; YU, J. New understanding of the difference of photocatalytic activity among anatase, rutile and brookite TiO_2. **Physical Chemistry Chemical Physics,** v. 16, p. 20382-20386, 2014. Disponível em: https://pubs.rsc.org/en/content/articlelanding/2014/cp/c4cp02201g/unauth. Acesso em: 07/08/2023.

ZHAO, L.; CHE, Z.; JIN, C.; YANG, S.; GUO, L.; ZHAO, Y.; GAO, M. Characteristics of extracellular polymeric substances from sludge and biofilm in a simultaneous nitrification and denitrification system under high salinity stress. **Bioprocess and biosystems Engineering**, v.

39, n. 9, p. 1375-1389. 2016. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27126502/. Acesso em: 15/02/2023.

ZHENG, M.; ASLUND, F.; STORZ. Activation of the OxyR transcription factor by reversible disulfide bond formation. **Science**, v. 13, n. 279, p. 1718-1721, 1998. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9497290/. Acesso em: 09/02/2023.

ZHOU, J.; HOLMES, D. E.; TANG, H.; LOVLEY, D. R. Correlation of Key Physiological Properties of *Methanosarcina* Isolates with Environment of Origin.. **Applied and Environmental Microbiology,** v. 87, n. 13, 2021. Disponível em: https://journals.asm.org/doi/epub/10.1128/AEM.00731-21. Acesso em: 18/11/22.

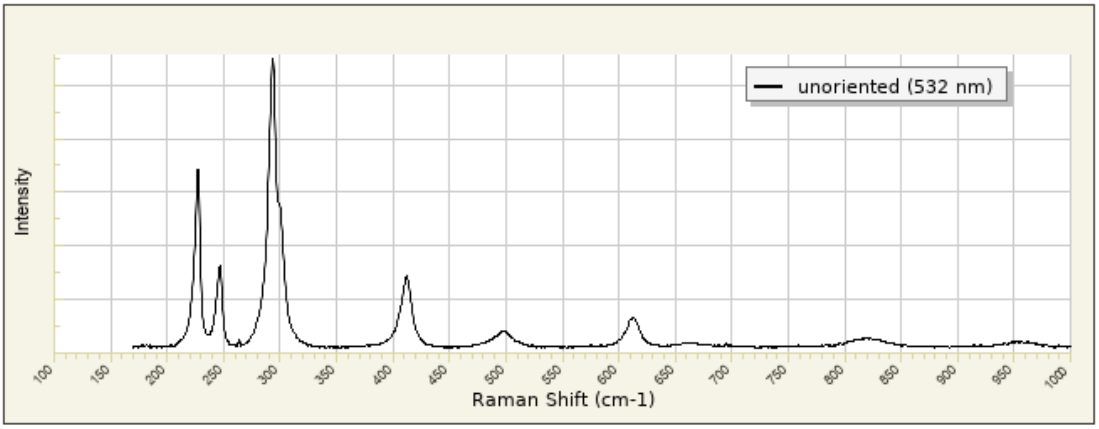
ZHOU, L.; ZHANG, Y.; GE, Y.; ZHU, X.; PAN, J. Regulatory Mechanisms and Promising Applications of Quorum Sensing-Inhibiting Agents in Control of Bacterial Biofilm Formation. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, p. 1-11, 2020. Disponível em: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2020.589640/full . Acesso em: 31/01/2023.

ZHOU, Z.; DONG, Y.; XIA, X.; WU, S.; HUANG, Y.; LIAO, S.; WANG, G. *Mucilaginibacter terrenus sp*. nov., isolated from manganese mine soil. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology,** v. 69, p. 3074-3079. 2019. Disponível em: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.003592. Acesso em: 09/11/22.

8. ANEXOS

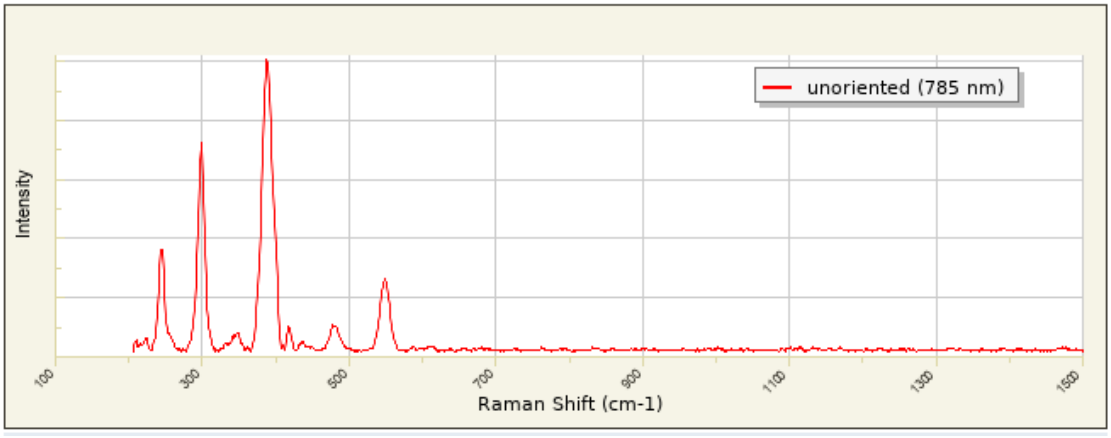
Anexo I: Espectros de referência dos mineirais identificados nas sub-amostras D1-1, D2-1 e D3-1:

1. Espectro de referência da Hematita



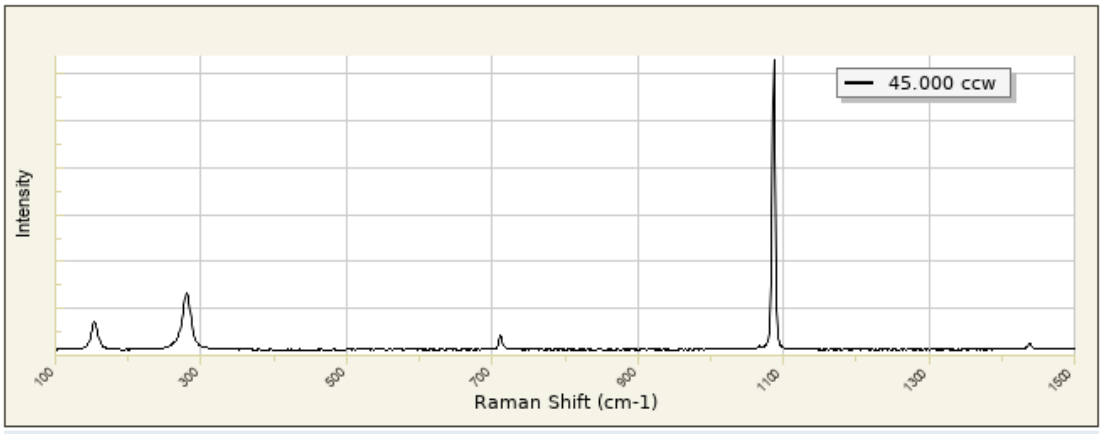
Fonte: <rruff.info>

2. Espectro de referência da Goetita



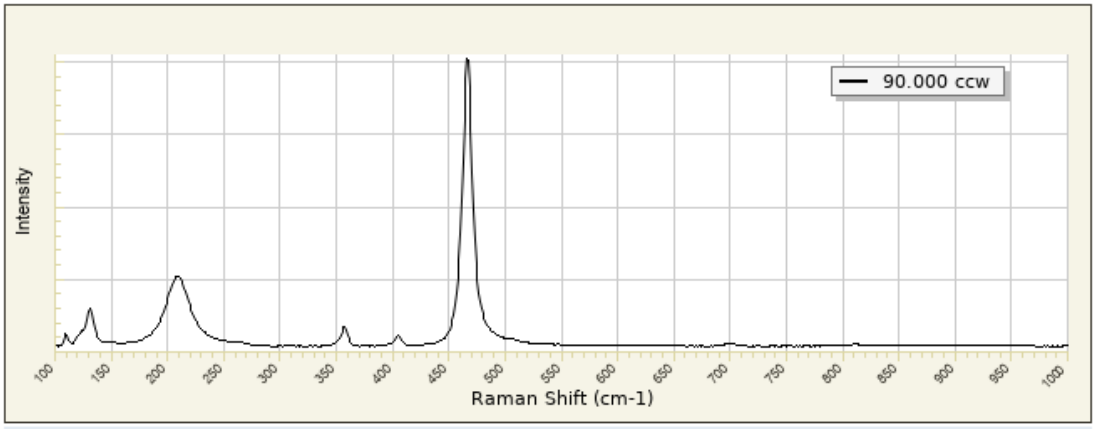
Fonte: <rruff.info>

3. Espectro de referência da Calcita



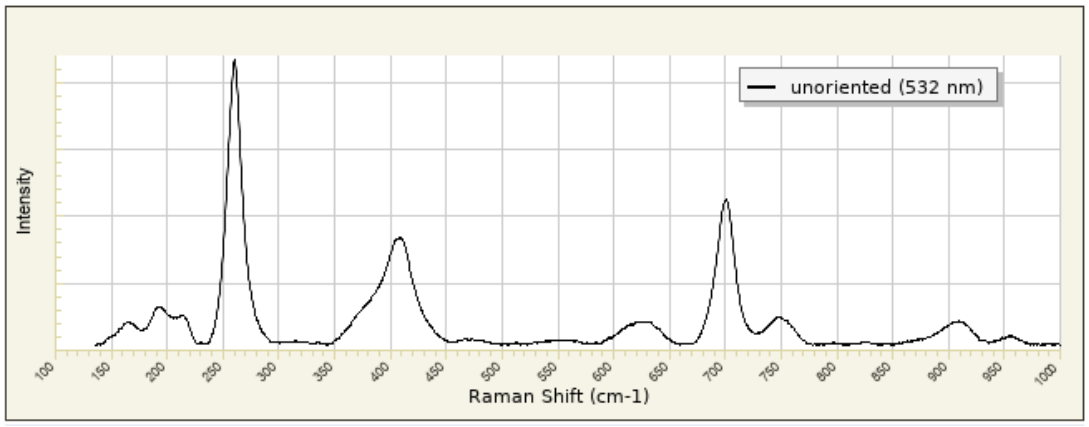
Fonte: <rruff.info>

4. Espectro de referência do Quartzo



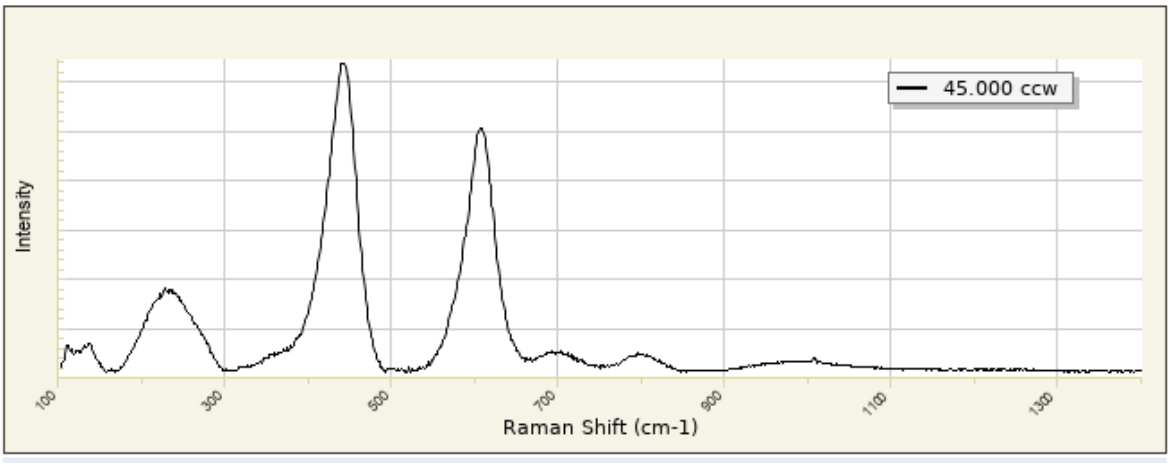
Fonte: <rruff.info>

5. Espectro de referência da Muscovita



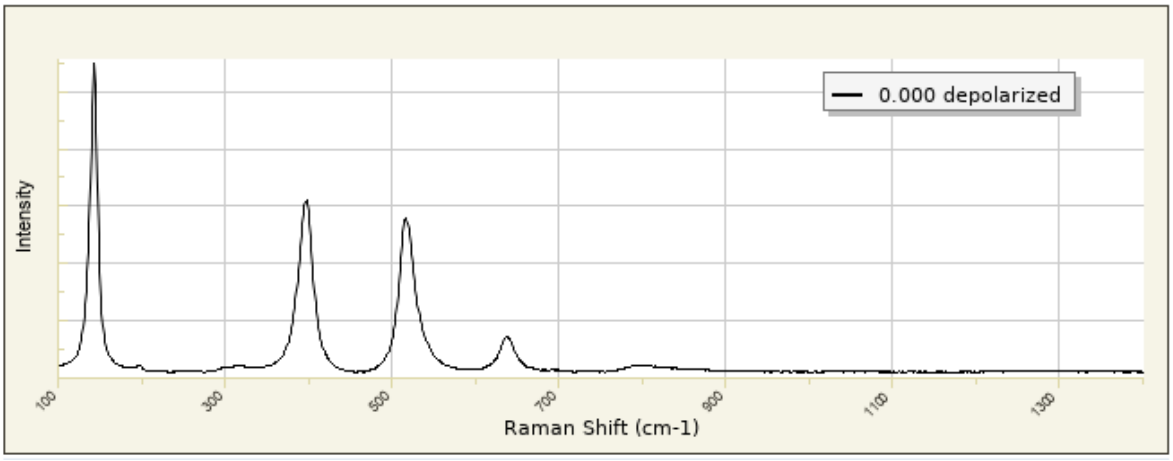
Fonte: <rruff.info>

6. Espectro de referência do Rutilo



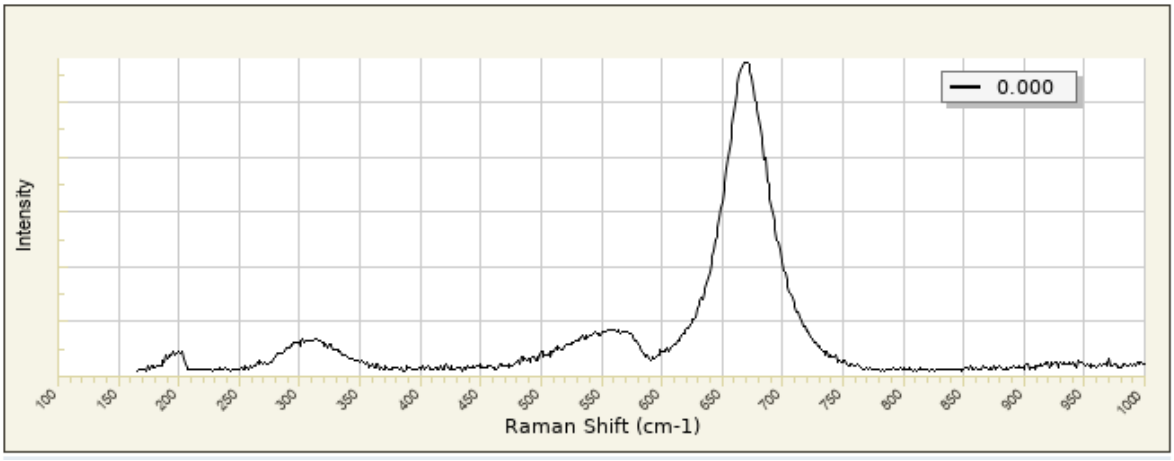
Fonte: <rruff.info>

7. Espectro de Referência do Anatasio



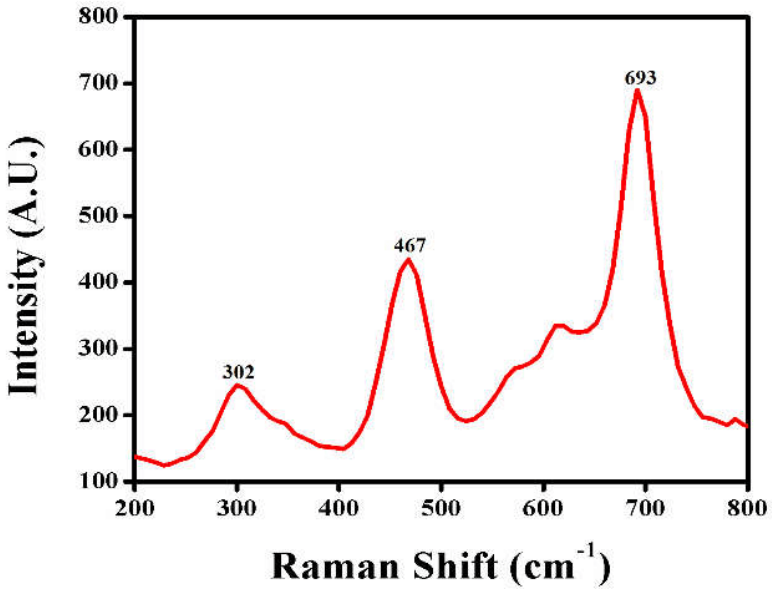
Fonte: <rruff.info>

8. Espectro de referência da ferrita de ferro (magnetita)



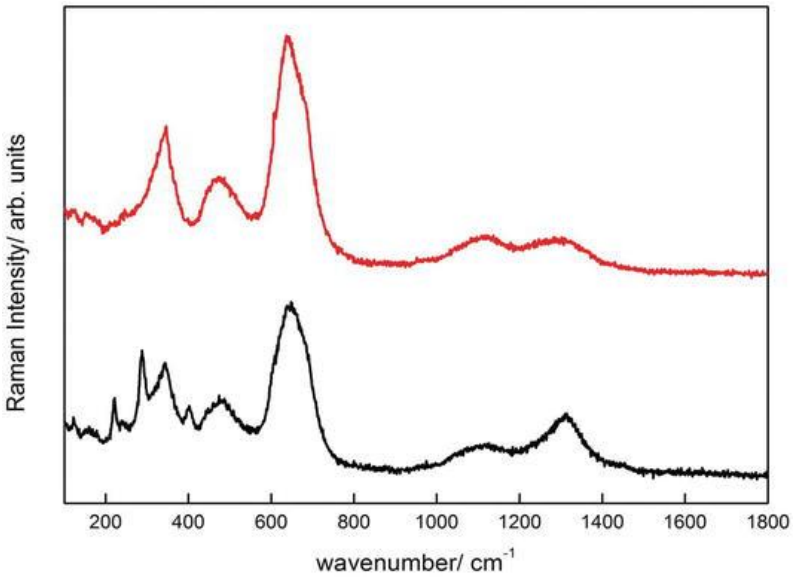
Fonte: <rruff.info>

9. Espectro de referência da ferrita de cobalto



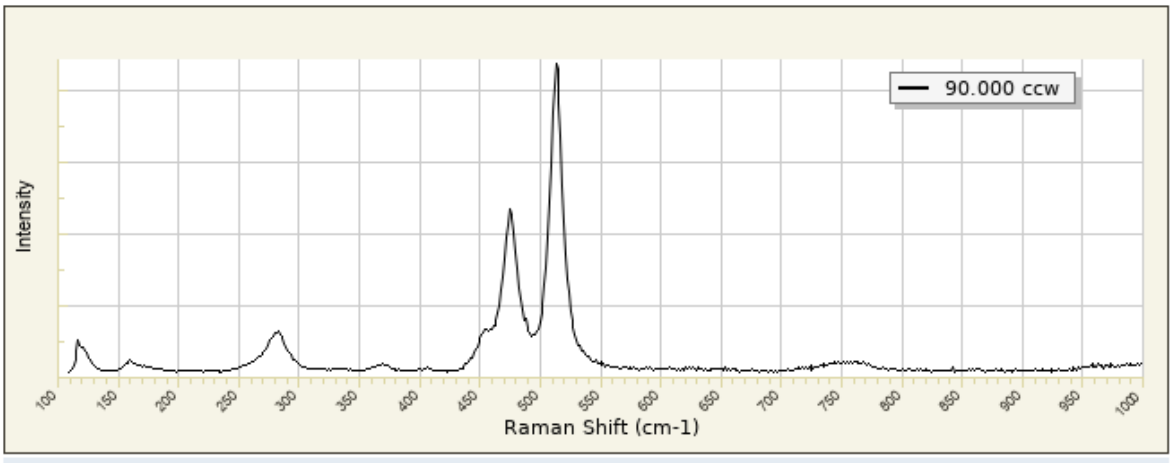
Fonte: (KHARAT et al., 2018)

10. Espectro de referência da ferrita de zinco



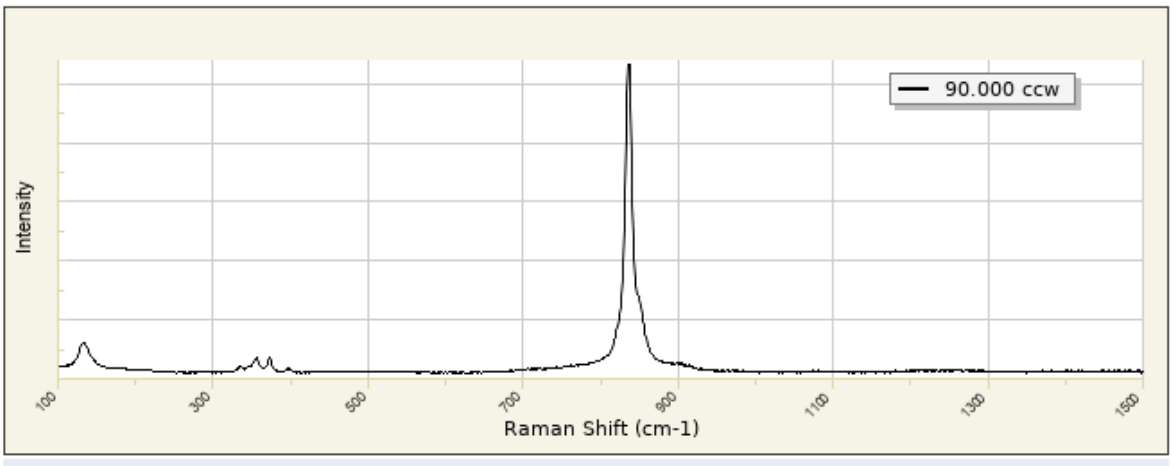
Fonte: (GALINETTO *et al.*, 2018)

11. Espectro de referência do Ortoclásio (Feldspato)



Fonte: <rruff.info>

12. Espectro de referência da crocoíta



Fonte: <rruff.info>