



Comunidade Microbiana de Biofilmes de Filtros Lentos para o Tratamento de Água: Uma Revisão Sistemática

Larissa Coêlho de Azevêdo¹, Anderson de Jesus Lima², Denise Conceição de Gois Santos Michelin²

¹ Departamento de Engenharia Sanitária e Ambiental da Universidade Federal de Sergipe. Avenida Marechal Rondon s/n, Bairro: Jardim Rosa Elze, São Cristóvão – SE – Brazil.

² Departamento de Engenharia Civil da Universidade Federal de Sergipe. Avenida Marechal Rondon s/n, Bairro: Jardim Rosa Elze, São Cristóvão – SE – Brazil.

laracazevedo@hotmail.com, andersoncivil2014@gmail.com,
denise_gois@yahoo.com.br

Abstract. *Slow filters (SF) used to treat water are efficient in removing contaminants, especially in the microbial Community layer (BC). The systematic review study (RS) aimed to analyze articles on BC in SF, based on the Scopus, Web of Science and ScienceDirect platforms. RS was based on the terms slow filter, biological layer and microorganisms inserted in Water Treatment. As results, we found 2496 articles, of which 22 met the inclusion criteria (integral analysis), obtaining 20 phylums, 28 genera and 6 identification techniques (T), with emphasis on Proteobacteria (phylum), Geobacter (genus) and T as rRNA sequencing, electrophoresis and scanning electron microscopy associated with other techniques.*

Resumo. *Filtros lentos (FL) utilizados para tratar água são eficientes na remoção de contaminantes, principalmente na camada comunidade microbiana (CB). O estudo de revisão sistemática (RS), objetivou analisar artigos sobre CB em FL, com base nas plataformas Scopus, Web of Science e ScienceDirect. A RS fundamentou-se nos termos filtro lento, camada biológica e microrganismos inseridas no Tratamento de Água. Como resultados, encontrou-se 2496 artigos, dos quais, 22 satisfizeram os critérios de inclusão (análise integral), obtendo 20 filos, 28 gêneros e 6 técnicas de identificação (T), com destaque para Proteobacteria (filó), Geobacter (gênero) e T como sequenciamento rRNA, eletroforese e microscopia eletrônica de varredura associada à outras técnicas.*

1. Introdução

Filtros de lentos de areia (FL) ou biofiltros de areia, do inglês *Biosand filter* (BSF) ou *Slow sand filter* (SSF), têm sido amplamente utilizados no tratamento de água para produzir água potável biologicamente estável, sendo reconhecidos por ter baixo consumo de energia e produtos químicos, alta eficiência e operação simples (Haig et al., 2015). O filtro lento é usado como uma das técnicas adequadas para obter água purificada, principalmente em países pobres ou países em desenvolvimento, pois purificam a água até o nível de limpeza necessário e recomendado para ser utilizado no dia a dia.

Sinônimo do termo “biologicamente estável”, a biofiltração é um processo de tratamento de água potável sem produtos químicos, que utiliza agentes biológicos para a



remoção das impurezas da água, com benefícios para a qualidade da água tratada. O papel desses microrganismos na interface entre a água e o leito do meio em filtros biológicos, como um filtro lento de areia tem sido um tema de muito debate ao longo dos anos, pois pouco se sabe sobre as comunidades microbianas que habitam no biofilme.

Em função dessas características, ocorre a formação de um filme gelatinoso na interface água – areia, conhecido como camada biológica ou *Schmutzdecke* (Almeida et al., 2018). Geralmente, na *Schmutzdecke* encontra-se algas, detritos, bactérias, protozoários, invertebrados, entre outros (Almeida et al., 2018). Esta camada biológica é fundamental para a eficácia do processo de filtração lenta. A composição biológica dessa camada pode variar de filtro para filtro, e depende da qualidade da água bruta, das condições climáticas e ambientais que irá influenciar na duração da carreira de filtração. Esta corresponde ao intervalo de tempo em que um filtro se encontra em operação (funcionamento), ou seja, período em que a água consegue atravessar a camada filtrante (Michelan, Sens e Dalsasso, 2015). A partir do momento em que a camada biológica dificulta a passagem da água bruta, significa que a carreira de filtração foi encerrada (finalizada). Segundo Elliott et al. (2015), quanto mais enriquecida for a camada biológica e quanto antes esta se formar, os microrganismos preencherão os poros da camada mais superficial do filtro.

Nesses filtros, a camada de areia fina permanece imersa em água permitindo a formação de um biofilme que impõe maior perda de carga à medida que a eficiência do filtro resultante aumenta. A formação de *schmutzdecke* é importante no que diz respeito ao desempenho do filtro, e dado que as reações dentro do biofilme são predominantemente aeróbicas, uma melhor compreensão da formação de *schmutzdecke* é crucial para a eficiência do filtro lento de areia (De Souza et al., 2021).

Além disso, embora se acredita que a estrutura do *schmutzdecke* (biofilme) logo após o estágio inicial de um filtro de FL, bem como as propriedades após operação de longo prazo, sejam importantes para a qualidade do efluente de água potável, poucos estudos foram realizados para caracterizar a camada *schmutzdecke* e identificar quais propriedades e características controlam a qualidade da água.

Os microrganismos presentes nos biofilmes originam-se da água bruta e formam uma comunidade composta por algas, bactérias, protozoários e algumas células vivas. Os microrganismos se adaptam às características da água bruta e ao ambiente da filtração Lamon et al. (2021). A maior parte da atividade bacteriana na natureza ocorre, não com as células individualizadas crescendo de maneira planctônica (livres, em suspensão), mas com as bactérias organizadas em comunidades de diferentes graus de complexidade, associadas a superfícies diversas, geralmente compondo um biofilme (Carmela et al., 2010).

Estudos tem sido feito para compreender a comunidade microbiana e quais os processos biológicos ocorrem na camada biológica de filtros lentos. Por exemplo, estudos anteriores descobriram que a diversidade e a função das comunidades microbianas em tais sistemas são intimamente relacionadas aos desempenhos do tratamento (Oh et al., 2017; Zhang et al., 2018; Haig et al., 2015).

Considerando a necessidade de mais informações quanto a comunidade microbiana de biofilmes desenvolvidas em filtros lentos para tratamento de água e a respectiva importância, este estudo buscou analisar e identificar publicações científicas sobre comunidades microbianas presentes na camada biológica de filtros lentos.



2. Metodologia

Para identificar e analisar as produções científicas atuais acerca das comunidades microbianas presentes na camada biológica de filtros lentos, foi utilizada revisão sistemática, por permitir a apropriação de evidências que contribuem para tomada de decisão. As etapas para realização da revisão foram: criação de um protocolo de pesquisa; levantamento dos artigos nas bases de dados; seleção dos artigos e extração e síntese dos dados.

O protocolo da revisão foi feito para auxiliar no planejamento, definindo a estrutura da pesquisa, selecionando o tipo e o número de variáveis a serem estudadas e no final analisar os resultados encontrados. Com especificação dos objetivos, dos subgrupos de interesse, dos métodos e critérios a serem empregados para a identificação e seleção dos estudos relevantes, extração e análise dos dados, e como deve preceder a execução da revisão.

A busca nas bases de dados e os estudos selecionados foram analisados com vista a responder as seguintes perguntas de pesquisas: quais microrganismos fazem parte da biota do biofilme de filtros lentos; quais as funções que esses microrganismos desempenham no tratamento; e quais as técnicas de identificação estão sendo mais utilizadas.

No processo da revisão sistemática, primeiramente, realizou-se a definição dos termos de busca. Para tanto, dividiu-se a busca dos termos em três eixos: filtro lento, camada biológica e microrganismos. Assim, com a ajuda do Google Acadêmico buscou-se trabalhos relativos a cada tema do eixo, de maneira a encontrar o maior número possível de termos, para se produzir strings de buscas com termos adequados ao tema pesquisado.

Desse levantamento, extraiu-se 10 expressões, distribuídas conforme cada eixo de pesquisa (Tabela 1). A partir das expressões selecionadas foram formuladas strings de buscas que relacionava os três eixos e o termo “água”, para que obtivesse trabalhos que tratassem especificamente do tratamento de água. As buscas foram desenvolvidas em três bases de dados internacionais *Scopus*, *Web of Science* e *ScienceDirect*.

Tabela 1. Palavras-chaves para pesquisa

Termos associados	Eixos de pesquisa
<i>slow sand filter; slow sand filtration; slow filter ou slow filtration; biofilter; Biosand filter.</i>	Filtro lento
<i>Schmutzdecke; biomass; biofilm; layer biological.</i>	Camada biológica
<i>Microorganism; biot; Microbial communities; Microbiology; Biological communities; Biological.</i>	Microrganismo

A string de busca utilizada nas bases de dados *Scopus* e *Web of Science* está disposta na Tabela 2. Essas bases contam com o recurso de retornar palavras com início iguais, mas que variam depois do asterísco, assim pode-se retornar palavras tanto no plural quanto no singular, por exemplo. Já as strings de busca para a base de dados *ScienceDirect* devem conter em particular as variações, seja no singular ou plural, por não existir o recurso do asterísco nesta base. Além disso, a máquina de busca



ScienceDirect não permite tanto termos em uma única string de busca. Dessa forma, foi necessário dividir a string de busca em 8 novas strings, fixando-se os termos do primeiro eixo de pesquisa e variando os demais, como apresentado na Tabela 3.

Tabela 2. Strings de pesquisa

Base	String
Scopus e Web of Science	("slow sand filt*" OR "slow filt*" OR biofilter OR "Biosand filter") AND (water) AND (Schmutzdecke OR biomass OR biofilm OR "layer biological") AND (Microorganism OR biot OR "Microbial communities" OR Microbiology OR "Biological communities" OR Biological)

Tabela 3. String de pesquisa na base de dados ScienceDirect

Base	Strings
Science Direct (1)	<ul style="list-style-type: none">• ("slow sand filter" OR "slow filter" OR biofilter OR "Biosand filter") AND (water) AND (Schmutzdecke) AND (Microorganism)• ("slow sand filter" OR "slow filter" OR biofilter OR "Biosand filter") AND (water) AND (biomass) AND (biot)• ("slow sand filter" OR "slow filter" OR biofilter OR "Biosand filter") AND (water) AND (biofilm) AND ("Microbial communities" OR Microbiology)• ("slow sand filter" OR "slow filter" OR biofilter OR "Biosand filter") AND (water) AND ("layer biological") AND ("Biological communities" OR Biological)
Science Direct (2)	<ul style="list-style-type: none">• ("slow sand filtration" OR "slow filtration" OR biofilter OR "Biosand filter" AND (water) AND (Schmutzdecke) AND (Microorganism)• ("slow sand filtration" OR "slow filtration" OR biofilter OR "Biosand filter" AND (water) AND (biomass) AND (biot)• ("slow sand filtration" OR "slow filtration" OR biofilter OR "Biosand filter" AND (water) AND (biofilm) AND ("Microbial communities" OR Microbiolog• ("slow sand filtration" OR "slow filtration" OR biofilter OR "Biosand filter" AND (water) AND ("layer biological") AND ("Biological communities" OR Biological)

As strings previamente formuladas serviram como dados de entrada para as buscas nas bases de dados, que foram efetuadas selecionando estudos primários em português e inglês, sem restrição de data de publicação. A Figura 1 contém o número de artigos retornados para cada base de dado, totalizando 2496 trabalhos.

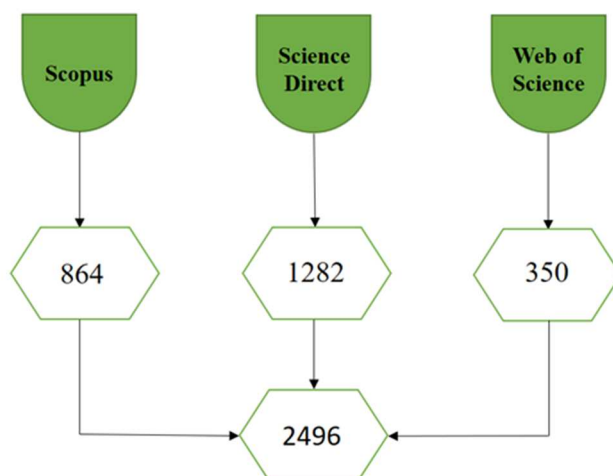


Figura 1. Número de publicações encontradas por base de dados.

Devido à utilização de diversas palavras-chaves em cada trabalho e grande possibilidade de bases diferentes possuírem artigos em comum entre os arsenais científicos, ocorreu repetições de trabalhos no portfólio bibliográfico. Seguindo essa estimativa, foi realizada a importação das referências pesquisadas para o programa Start, desenvolvido pelo Laboratório de Pesquisa em Engenharia de Software da Universidade Federal de São Carlos, a fim de identificar os trabalhos em duplicata.

Após essa ação, foram retirados 894 artigos duplicados e o portfólio passou a contar com 1602 que foram analisados quanto ao título e ao resumo, com exclusão de mais 1532 artigos. Em seguida foi feita a leitura integral de 70 artigos. E para definir quais artigos estavam disponíveis na íntegra que não foram rejeitados na primeira etapa, foi feita a análise dos trabalhos seguindo os critérios expostos no protocolo de pesquisa. A Figura 2 exibe o fluxograma do processo de seleção dos artigos para compor o portfólio bibliográfico (PB) da revisão sistemática.

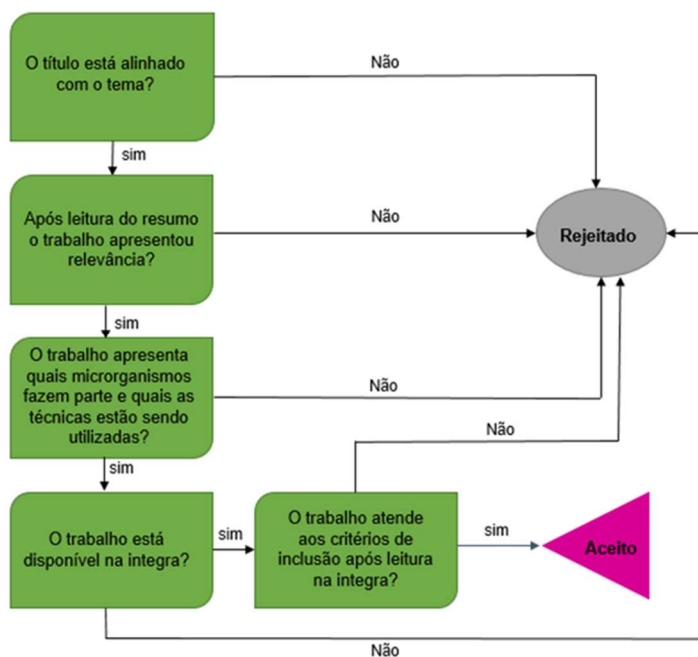


Figura 2. Critérios de inclusão e exclusão dos artigos.

3. Resultados e Discussão

Com base nos critérios e métodos de seleção de trabalhos foram identificados 22 artigos para compor o portfólio bibliográfico da revisão foram listados em ordem alfabética de título. A Tabela 4a traz informações desses artigos da letra “A” até a letra “M” (Parte 1), ao passo que a Tabela 4b ilustra os títulos dos trabalhos selecionados da letra “O” até a letra “V” (Parte 2). Ambas as tabelas supracitadas além dos títulos dos artigos, também apresentam informações dos respectivos autores, ano de publicação e periódico.

Tabela 4a. Portfólio bibliográfico - Parte 1 (Títulos de “A” a “M”)

Nº	Título	Autores	Ano	Revista
1	Abundance and composition of indigenous bacterial communities in a multi-step biofiltration-based drinking water treatment plant	Lautenschlager et al.	2014	Water Research
2	Biodegradation rates of 2-methylisoborneol (MIB) and geosmin through sand filters and in bioreactors	Ho et al.	2007	Chemosphere
3	Evaluating the role of total organic carbon in predicting the treatment efficacy of biosand filters for the removal of <i>Vibrio cholerae</i> in drinking water during startup	Danley-Thomson et al.	2018	Journal of Applied Microbiology
4	Household slow sand filter efficiency with <i>schmutzdecke</i> evaluation by microsensors	Lamon et al.	2021	Environmental Technology (United Kingdom)
5	Influence of hydraulic conductivity on communities of microorganisms and invertebrates in porous media: A case study in drinking water slow sand filters	Mauclair, Schürmann e Mermillod-Blondin	2006	Aquatic Sciences
6	Influence of PPCPs on the performance of intermittently operated slow sand filters for household water purification	Pompei et al.	2017	Science of the Total Environment
7	Influence of slow sand filter cleaning process type on filter media biomass: backwashing versus scraping	De Souza et al.	2021	Water Research
8	Metagenomic characterization of biofilter microbial communities in a full-scale drinking water treatment plant	Oh et al.	2017	Water Research
9	Microbial community assembly and metabolic function in top layers of slow sand filters for drinking water production	Chen et al.	2021	Journal of Cleaner Production
10	Microbial community composition of a household sand filter used for arsenic, iron, and manganese removal from groundwater in Vietnam	Nitzsche et al.	2015	Chemosphere
11	Microbial community structure of a slow sand filter <i>schmutzdecke</i> : A phylogenetic snapshot based on rRNA sequence analysis	Wakelin et al.	2011	Water Science and Technology: Water Supply
12	Microbial dynamics of biosand filters and contributions of the microbial food web to effective treatment of wastewater-impacted water sources	Webster e Fierer	2019	Applied and Environmental Microbiology
13	<i>Microcystis aeruginosa</i> and microcystin-LR removal by household slow sand filters operating in continuous and intermittent flows	Terin e Sabogal-Paz	2019	Water Research



Tabela 4b. Portfólio bibliográfico- Parte 2 (Títulos de “O” a “V”)

Nº	Título	Autores	Ano	Revista
14	Organic carbon: An overlooked factor that determines the antibiotic resistome in drinking water sand filter biofilm	Wan et al.	2019	Environment International
15	Primary colonizing Betaproteobacteriales play a key role in the growth of Legionella pneumophila in biofilms on surfaces exposed to drinking water treated by slow sand filtration	Van der Kooij et al.	2018	Applied and Environmental Microbiology
16	Purification of harvested rainwater using slow sand filters with low-cost materials: Bacterial community structure and purifying	Zhao et al.	2019	Science of the Total Environment
17	Replicating the microbial community and water quality performance of full-scale slow sand filters in laboratory-scale filters	Haig et al.	2014	Water Research
18	Risk assessment of the <i>schmutzdecke</i> of biosand filters: Identification of an opportunistic pathogen in <i>schmutzdecke</i> developed by an unsafe water source	Hwang et al.	2014	International Journal of Environmental Research and Public Health
19	Self-regulating microbiome networks ensure functional resilience of biofilms in sand biofilters during manganese load fluctuations	Zhao et al.	2021	Water Research
20	The Performance and Microbiology of Ozone-Enhanced Biological Filtration	Malley et al.	1993	Journal American Water Works Association
21	Visualisation of the microbial colonisation of a slow sand filter using an environmental scanning electron microscope	Devadhanam Joubert e Pillay.	2008	Electronic Journal of Biotechnology
22	Visualization of the Microbial Community and Elemental Mapping of Anadara granosa Media Used in a Slow Sand Filter Using a SEM-EDS	Ni'matuzahroh et al.	2020	Asian Journal of Water, Environment and Pollution

A partir dos artigos selecionados foi possível identificar a frequência de palavras-chave utilizadas. Assim, foi elaborada a nuvem de palavra na Figura 3, na qual o tamanho da fonte utilizada para cada termo reflete a frequência com que é utilizado como palavra-chave de artigos da área.

Conforme indicado na Figura 3, as expressões mais utilizadas como palavras-chaves foram “Sand”, “Slow”, “Filter”, “Biofilme” e “Filtrate”, o que pode ser entendido como um reforço à ideia de que as strings de busca elaboradas foram adequadas para se obter trabalhos pertinentes ao tema.



Figura 3. Nuvem de palavras-chaves

No que diz respeito ao quantitativo de publicações, a Figura 4 ilustra a relação de trabalhos publicados por ano. Observou-se que os anos que tiveram aumento expressivo nas publicações, foram 2018 e 2019. Embora as buscas pelos artigos relacionados ao tema de pesquisa não foram limitadas pelo ano, observou-se que mesmo com registro de maior número de publicações ser recente, artigos publicados entre os anos 1992-1997 também satisfizeram aos critérios de inclusão para o portfólio. O que demonstram haver interesse continuado pelo tema.

Ao analisar os 22 trabalhos selecionados do portfólio bibliográfico, foi possível elaborar a Figura 5, que correlaciona as bactérias mais abundantes ao nível de gênero, dos quais foram semelhantes às encontradas em outros estudos do portfólio. Assim, as comunidades bacterianas foram agrupadas de acordo com que apresentaram mais constância em vários trabalhos. Esta predominância englobou 28 gêneros. Observa-se ainda que, o gênero de bactéria que mais se destacou foi o *Geobacter*, encontrado em todos os estudos que fizeram parte do portfólio. O gênero *Hyphomicroium* também ficou em evidência, com registro de identificação em 45% dos trabalhos citados no portfólio.



Figura 4. Quantidade de artigos no portfólio por ano.

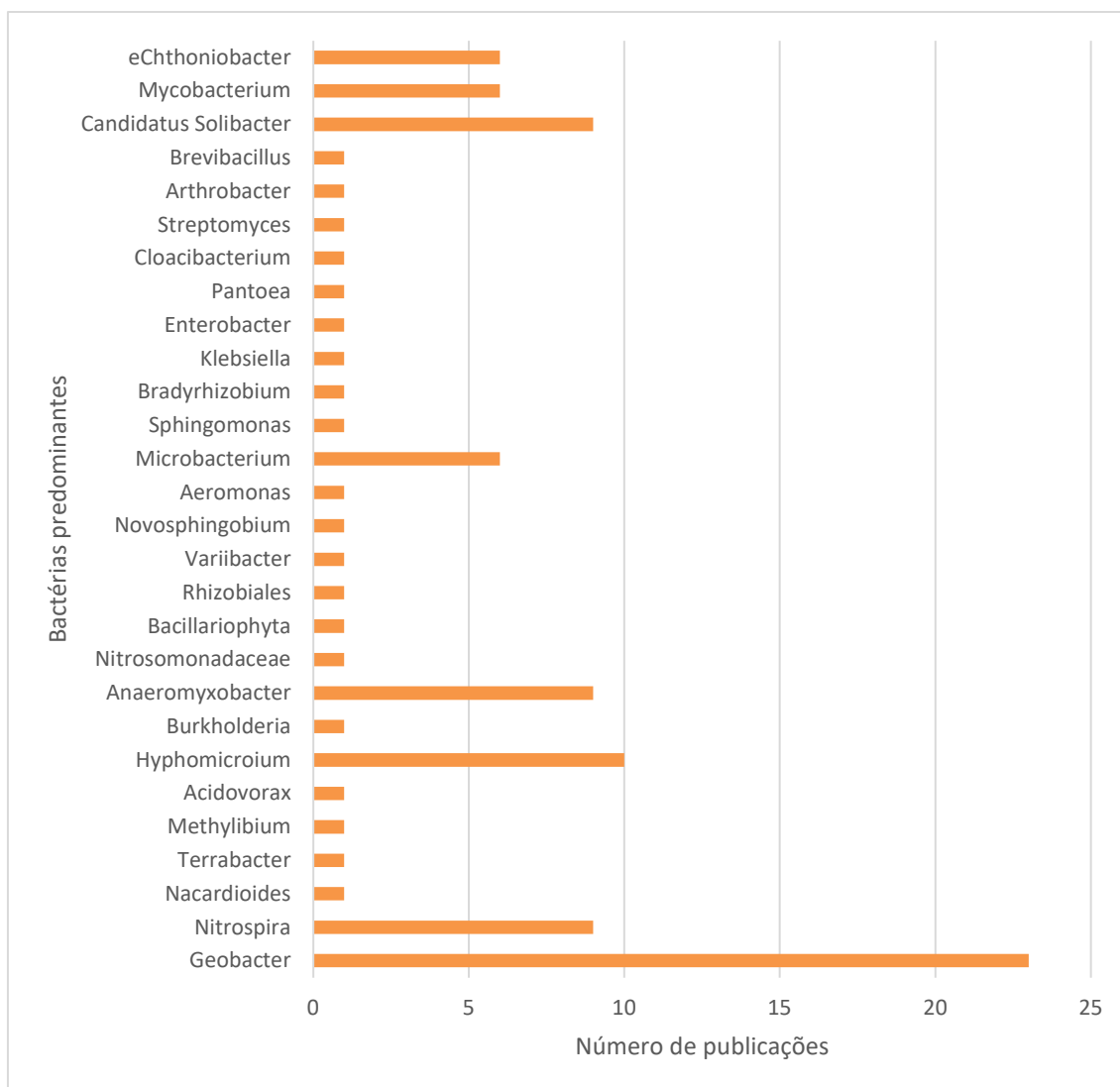


Figura 5. Gêneros da comunidade microbiana mais notados entres os artigos.

Da Figura 6, foi possível conhecer os filos mais observados pelos autores dos trabalhos selecionados para o portfólio bibliográfico. Desse modo, pode-se notar que os filos mais citados nos artigos são: *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Acidobacteria*, *Bacteroidetes*, *Cyanobacteria*, *Cloroflexi*, *Gemmatimonadetes*, *Nitrosperae*, *Planctomycetes*, *Chlorobi* e *Verrucomicrobia*. Ao todo, foram observados 20 filos, com destaque para o *Proteobacteria*, citado em 12 trabalhos incluídos no portfólio.

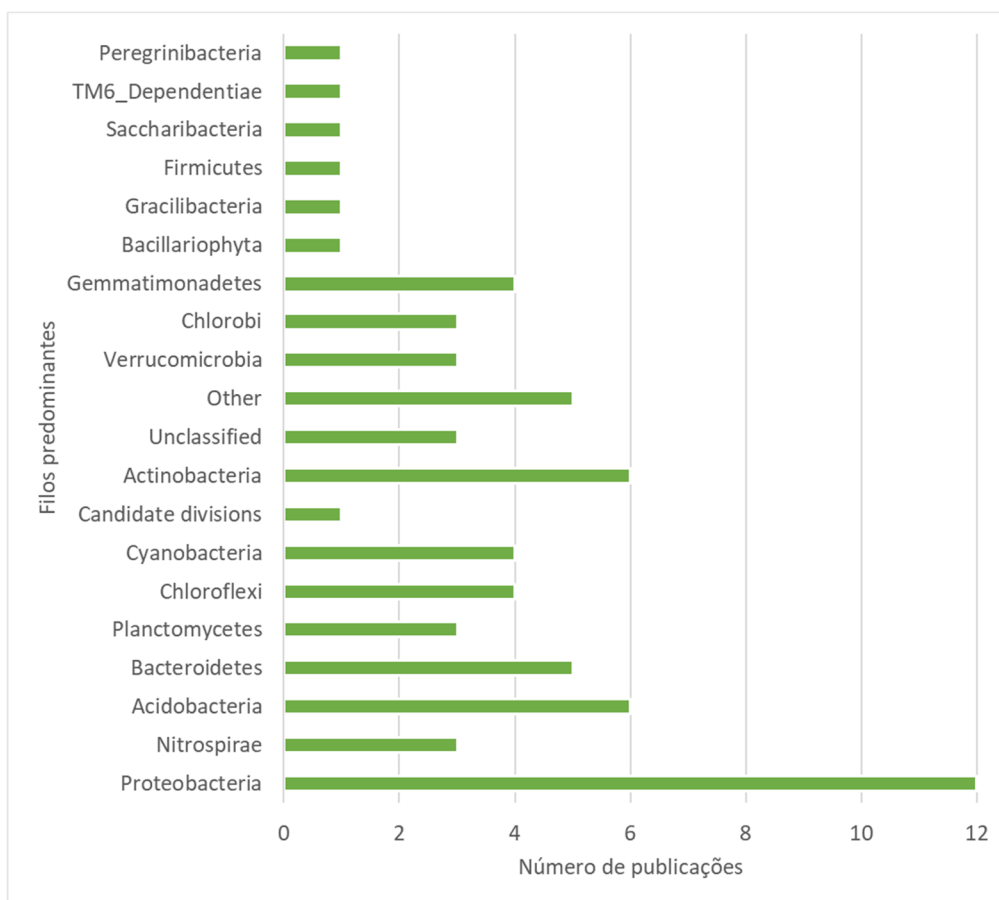


Figura 6. Filos da comunidade microbiana mais citados entres os artigos.

Além da identificação dos principais microrganismos observados pelos artigos do portfólio bibliográfico, foi realizado o levantamento das técnicas utilizadas nessas identificações. Assim, a Tabela 5 ilustra quais as técnicas de identificação estão sendo utilizadas. Desse modo, pode-se observar variações de técnicas, porém a mais utilizada e identificada durante a leitura dos artigos foi a técnica baseada em sequenciamento de 16S rRNA.

No nível do filo, as bactérias mais abundantes foram *Proteobacteria*, *Acidobactérias*, *Verrucomicrobia*, *Cloroflexi*, *Bacteroidetes*, *Actinobactérias*, *Nitrospirae*, *Chlorobi* e *cianobactérias*. As abundâncias relativas do filo foram semelhantes às encontradas em outros trabalhos, sendo a mais comum as *Proteobacteria*, que são geralmente predominantes em FL devido à disponibilidade e variabilidade deste filo de metabolismo no meio ambiente. De Souza et al. (2021) destaca que a presença está relacionada com a degradação de diversos compostos orgânicos em biofiltros (D'Alessio et al., 2015; Haig et al., 2015; Lautenschlager et al., 2014; Lião et al., 2015).

O trabalho realizado por De Souza et al. (2021), além de abordar o nível de filo, também traz informações quanto ao gênero das bactérias mais abundante. Em que o gênero mais abundante, são as *Geobacter*, bactérias deste gênero são anaeróbias e usam Fe (III) ou Mn (IV) como aceitadores de elétrons para degradação do carbono orgânico e também a *Nitrospira* que está associado ao ciclo do nitrogênio e é bem conhecido por exercer um papel no processo de nitrificação. A biomassa do meio filtrante foi avaliada usando a técnica por sequenciamento de 16S rRNA.

Tabela 5. Quais as técnicas de identificação estão sendo utilizadas

Técnica	Descrição
T1	Sequenciamento de 16S rRNA
T2	Eletroforese em gel de gradiente desnaturante (DGGE) + pirosequenciamento 454 baseado no gene 16S rRNA
T3	Proteína C reativa (PCR) associado a DGGE direcionado ao 16S rRNA
T4	Polimorfismo do comprimento do fragmento de restrição terminal (T-RFLP) usando um método adaptado de Gunsch et al. (2005) e Gunsch et al. (2007) como descrito em Danley-Thomson et al. (2015)
T5	Microscopia Eletrônica de Varredura e Energia Espectroscopia Dispersiva de Raios-X (SEM-EDS)
T6	Microscopia Eletrônica de Varredura (MEV) e Microscopia Eletrônica (ESEM)

Nas análises do trabalho 1 (T1), realizadas por Lautenschlager et al. (2014), utilizaram o pirosequenciamento 454 baseado no gene 16S rRNA. A abundância relativa de cada taxa microbiana foi desenvolvida, com a prevalência das *Proteobacteria*, *Planctomycetes*, *Acidobacteria*, *Bacteroidetes*, *Nitrospira*, *Chloroflexi*, *Actinobacteria* e *Chlorobi*.

Os trabalhos 10, 11, 12, 14, 16 e 17, realizados por Niltzsche et al. (2015), Wakelin et al. (2011), Webster e Fierer (2019), Wan et al. (2019), Zhao et al. (2019) e Haig et al. (2014), respectivamente, foram aplicados as mesmas técnicas de sequenciamento de ampliações do gene 16S rRNA, e obtiveram filos semelhantes na camada do *schmutzdecke*, como as *Proteobacteria*, *Planctomycetes*, *Chloroflexi*, *Bacteroidetes*, *Saccharibacteria*, *Acidobacteria*, *Actinobacteria*, *TM6 Dependuntiae*, *Chlorobi*, *Nitrospirae* e *Cyanobacteria*.

Ho et al. (2007), analisou o perfil da comunidade bacteriana usando a técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR) e o produto da reação analisado por D-GENETM Sistema de eletroforese em gel desnaturante, Bio-Rad (DGGE) direcionado ao 16S rRNA. Identificaram quatro bactérias, a exemplo *Pseudomonas sp.*, *Alphaproteobacterium*, *Sphingo monas sp.* e um membro *Acidobacteriaceae* envolvidas na biodegradação da geosmina dentro de filtros lentos de areia.

Partindo da pesquisa de Mauclaire, Schürmann e Mermillod-Blondin (2006), os estudos de microscopia eletrônica foram conduzidos em microscópio eletrônico de varredura Zeiss Leo 1530 (SEM), e foram observados que a comunidade microbiana era composta principalmente por bactérias Gram-positivas e Gram-negativas, considerados do grupo mais abundantes em sistema de água potável, a exemplo de actinomicetos, microeucariotos, fungos e protistas.

Pompei et al. (2017), investigaram dois filtros lentos de areia domésticos para purificação de água operado intermitentemente com e sem contaminação por seis produtos farmacêuticos e de cuidados pessoais (PPCPs). Os autores dividiram os estudos em duas fases, uma o filtro contaminado por PPCPs, encontrando espécies como *Bacillus anthracis* e *Exiguobacterium sp.*, *Bacillus sp.*, *Serratia ureilytica*, *Chryscobacterium sp.*,



Stemotrophomonas rhizophila, *Bacillus mycoides*, sugerindo que essas espécies sejam resistentes de mistura de PPCPs. Enquanto que em filtros não contaminados por PPCPs, foram encontradas *Bacillus pumilus* e *Enterobacterium bacterium*.

Ao analisar a camada de *schmutzdecke*, utilizando a técnica sequenciamento de 16S rRNA, Chen et al. (2021), observaram a presença significativa de *Pedomicrobium spp.* e *Pseudomonas spp.* sugerindo a ocorrência de biodegradação mineral, as *MNDI spp.*, *Nitrospira. ssp* que são as responsáveis pela oxidação de nitrito. Com relação à composição da comunidade, os gêneros *Candidatus Methylophilis spp.* e *Hyphomicrobium spp.*, foram encontradas no biofilme, e estão ligadas à desnitrificação biológica.

O pirosequenciamento de marcadores gênicos de 16S rRNA revelou que a areia do filtro é dominada por sequências de unidades taxonômicas (OTUs) pertencentes aos táxons bacterianos oxidantes de amônia *Nitrosomonas* e aos táxons bacterianos oxidantes de nitrito *Nitrospira*. Além disso, a abundância de sequência relativamente alta de Archaea oxidantes de amônia pertencentes aos táxons *Thaumarchaeota* não classificado e *Nitrososphaera* também foi observada (Chen et al., 2021).

O trabalho 14, Wan et al. (2019), após analisarem as comunidades bacterianas no biofilme, usando sequenciamento de ampliações do gene 16S rRNA, observaram a nível de filo as *Proteobacterias* como mais dominantes nos filtros, enquanto que no nível de gênero, *Masilia* foi a mais dominante.

Zhao et al. (2019), além de ter identificados *Proteobacteria*, *Planctomycetes*, *Acidobacteria*, *Bacteroidetes* e *Nitrospira* semelhantes aos estudos anteriores, identificou-se que o *Opitutae* não era muito abundante em FL, mas poderia indicar a eficiência dos FL para remover amônio. Entre essas classes bacterianas, *Opitutae*, *Sphingobacteriia* e *Flavobacteriia* foram significativamente correlacionados com parâmetros de qualidade da água indicativos de poluição.

Ao analisar a microscopia da *schmutzdecke*, Terin e Sabogal-Paz (2019), observaram que as amostras eram aparentemente predominantes de microrganismos morfológicamente semelhantes a *M. aeruginosa*, *Vorticella sp.*, *Rotifers*, *Nematodes*, algas, entre outros. Também foi constatado que bactérias dos filos *Proteobacteria* e *Actinobacteria* são capazes de degradar microcistina.

Van Der Kooij et al. (2018), destacou que a ozonização pode aumentar a disponibilidade de substratos preferido por *P. aquaticus*, um membro metilotrófica do *Burkholderiaceae*. As *C. manganoxidans* bactéria termofílica acumuladora de poli- β -hidroxibutirato (PHB), pode utilizar aminoácidos e uma série de carboidratos e ácidos carboxílicos. E a maioria das *Alfaproteobactérias*, que predominaram nos biofilmes, estão intimamente relacionados a bactérias de crescimento lento isoladas de culturas com amebas, por exemplo *Rhodoplanes* e *P. sinuspersici*.

Segundo Hwang et al. (2014), a diversidade no gênero, filo e cepas de patógenos oportunistas foi aumentada no *schmutzdecke* em comparação com as fontes de água. Nestas fontes, foram observados seis gêneros diferentes, enquanto doze gêneros diferentes foram observados na *schmutzdecke*. *Novosphingobium*, *Aeromonas* e *Microbacterium* foram comumente encontrados tanto na água quanto no biofilme. No entanto, *Sphingomonas*, *Bradyrhizobium*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Pantoea*,



Cloacibacterium, *Streptomyces*, *Arthrobacter* e *Brevibacillus* foram observados em amostras originadas de *schmutzdecke*.

Ao analisar o comportamento dos microrganismos no biofilme, identificando como respondem quando há o aumento de carga de Mn (II), Zhao et al. (2021) observaram que o *Hyphomicrobium* dominante foi capaz de persistir apesar das condições flutuantes, no entanto, a abundância não foi necessariamente relacionado com a remoção efetiva de Mn (II). Em contrapartida, Gaiella, *Bacillariophyta* e *Nordella* foram todos positivamente associados com a remoção de Mn (II).

Ao examinar os feitos da pré-ozonização e a microbiologia no tratamento de filtros de areia lentos, Malley et al. (1993) destacou que o ozônio pode influenciar as populações bacterianas. Observou crescimento destacado nos filtros de *Pseudomonas vesicularis*, *Pseudomonas fluorescens*, ambos do filo *proteobacteria*, *Xanthobacter autotrophicus* e *Cromobactéria violaecum*,

No objeto de estudo do trabalho 21, Devadhanam Joubert e Pillay (2008) ao usar a técnica de Microscopia Eletrônica (ESEM), pôde identificar Gyrosigma ou Nitzschia sp. (Filo Ochrophyta) e a Melosira variantes e a pequena diatomácea em primeiro plano é Nitzschia cf. frustulum. (Filo Ochrophyta), as diatomáceas *Cocconeis sp.* e *Cyclostephanos dubius* são encontrados também. Porém a função e atividade exatas dos organismos individuais no biofilme de um filtro de areia não foram determinadas.

Por fim, o autor do trabalho 22, de autoria de Ni'matuzahroh et al. (2020), observaram por meio do microscópio eletrônico de varredura com espectroscopia de raios X dispersivos de energia (SEM-EDS) e identificaram bactérias e as diatomáceas que são considerados dois microrganismos que promoveram a formação da camada de *schmutzdecke*.

4. Conclusão

A revisão sistemática levou à identificação de 22 artigos relevantes que estão alinhados ao tema comunidade microbiana de biofilme desenvolvidas em filtros lentos para o tratamento de água potável, de modo a analisar as redes comunitárias dentro do biofilme de areia nos biofiltros, investigar qual é a função de cada microrganismo para o tratamento de água potável e quais técnicas são usadas para observar estes.

Dentre os principais resultados, *Proteobacteria* foi o filo predominantemente identificado. Enquanto isso, *Geobacter* e *Hyphomicrobium* foram os gêneros predominantemente identificados, estando associados aos ciclos do ferro e do nitrogênio. Outros gêneros significativamente identificados foram *Anaeromyxobacter*, *Nitrospira*, *Mycobacterium*, *Microbacterium*, *Candidatus Solibacter* e *eChthoniobacter*, dos quais foram associados à matéria orgânica degradação, demonstrando a complexidade da atividade bacteriana da filtração lenta em toda a profundidade do filtro.

Quanto às técnicas de identificação, o sequenciamento de 16S rRNA de alto rendimento, mostrou a técnica mais consolidada, pois gera DNA com alta qualidade e rendimento suficiente para obtenção dos microrganismos na camada do biofilme, além disso é considerada ferramenta útil tanto para caracterização da comunidade bacteriana como para quantificação da biomassa.

Ao analisar a função das atividades exatas dos organismos individuais dentro do leito de filtro de areia, notou-se que pouco se sabe sobre qual função cada microrganismo



exerce no tratamento de água potável. Foram identificadas diversas funções, como organismos que ajudam com a remoção de manganês a microrganismos capazes de degradar microcistina. Portanto, há necessidade de serem desenvolvidos estudos com maior rigor metodológico, tais como avaliação com precisão da função desses microrganismos.

Espera-se que essa revisão sistemática possa contribuir para as pesquisas futuras, oferecendo subsídios aos autores para a aquisição de novos conhecimentos sobre a comunidade microbiana presente no biofilme e a função que cada uma exerce no tratamento de água em filtros de areia lentos.

Referências

- Almeida, M. C. (2018) “Avaliação do uso de mantas sintéticas não tecidas e areia grossa na filtração lenta em escala domiciliar – estudo comparativo”. p. 167.
- Carmela, M., Santos, S. P., Trindade, L. A. e Maia, R. (2010) “Formação de biofilme na indústria de alimentos e métodos de validação de superfícies”. In Revista Científica Eletrônica de Medicina Veterinária, Ano III, n. 15, p. 1–23. FAEF.
- Chen, L., Zhai, Y., Van Der Mark, E., Liu, G., Van Der Meer, W. e Medema, G. (2021) “Microbial community assembly and metabolic function in top layers of slow sand filters for drinking water production”. In Journal of Cleaner Production, v. 294, 126342, p. 1–11. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2021.126342>. Abril.
- D’Alessio, M., Yoneyama, B., Kirs, M., Kisand, V. e Ray, C. (2015) “Pharmaceutically active compounds: Their removal during slow sand filtration and their impact on slow sand filtration bacterial removal”. In Science of the Total Environment, v. 524–525, p. 124–135. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.04.014>. August.
- Danley-Thomson, A. A., Huang, E. C., Worley-Morse, T. e Gunsch, C. K. (2018) “Evaluating the role of total organic carbon in predicting the treatment efficacy of biosand filters for the removal of *Vibrio cholerae* in drinking water during startup”. In Applied Microbiology, v. 125, p. 917–928. <https://doi.org/10.1111/jam.13909>. May.
- De Souza, F. H., Roecker, P. B., Silveira, D. D., Sens, M. L. e Campos, L. C. (2021) “Influence of slow sand filter cleaning process type on filter media biomass: backwashing versus scraping”. In Water Research, v. 189, p. 1–49. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2020.116581>. February.
- Devadhanam Joubert, E. e Pillay, B. (2008) “Visualisation of the microbial colonisation of a slow sand filter using an Environmental Scanning Electron Microscope”. In Electronic Journal of Biotechnology, v. 11, n. 02, p. 1–8. Pontificia Universidad Católica de Valparaíso.
- Elliott, M., Stauber, C. E., DiGiano, F. A., Aceituno, A. F. e Sobsey, M. (2015) “Investigation of *E. coli* and Virus Reductions Using Replicate, Bench-Scale Biosand Filter Columns and Two Filter Media”. International Journal of Environmental Research and Public Health, v. 12, n. 9, p. 10276–10299. <https://doi.org/10.3390/ijerph120910276>. August.
- Gunsch, C., Cheng, Q., Kinney, K., Szaniszló, P. e Whitman, C. (2005) “Identification of a Homogentisate-1,2-Dioxygenase Gene in the Fungus *Exophiala lecanii*-corni: Analysis and Implications”. In Appl Microbiol Biotechnol, v. 68, p. 405–411. Applied



- Microbial And Cell Physiology. <https://doi.org/10.1007/s00253-005-1899-0>. February.
- Gunsch, C. K., Kinney, K. A., Szaniszlo, P. J. e Whitman, C. P. (2007) “Relative gene expression quantification in a fungal gas-phase biofilter”. In *Biotechnology and bioengineering*, v. 98, p. 101-111. <https://doi.org/10.1002/bit.21393>. February.
- Haig, S.-J., Quince, C., Davies, R.L., Dorea, C.C. e Collins, G. (2015) “The relationship between microbial community evenness and function in slow sand filters”. In *MBio*, v. 06, p. 1–20. Research Article. <https://doi.org/10.1128/mBio.00729-15>. September/October.
- Haig, S.-J., Quince, C., Davies, R. L., Dorea, C. C. e Collins, G. (2014) “Replicating the microbial community and water quality performance of full-scale slow sand filters in laboratory-scale filters”. In *Water Research*, v. 61, p. 141–151. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2014.05.008>. September.
- Ho, L., Hoefel, D., Bock, F., Saint, C. P. e Newcombe, G. (2007) “Biodegradation rates of 2-methylisoborneol (MIB) and geosmin through sand filters and in bioreactors”. In *Chemosphere*, v. 66, p. 2210–2218. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2006.08.016>. February.
- Hwang, H., Kim, M., Shin, S. e Hwang, C. (2014) “Risk assessment of the Schmutzdecke of Biosand Filters: Identification of an Opportunistic Pathogen in Schmutzdecke Developed by an Unsafe Water Source”. In *International Journal of Environmental Research and Public Health*, v. 11, n. 02, p. 2033–2048. <https://doi.org/10.3390/ijerph110202033>. February.
- Lamon, A. W., Faria Maciel, P. M., Campos, J. R., Corbi, J. J., Dunlop, P. S. M., Fernandez-Ibañez, P., Anthony Byrne, J. A. e Sabogal-Paz, L. P. (2021) “Household slow sand filter efficiency with schmutzdecke evaluation by microsensors”. *Environmental Technology*, p. 1–12. <https://doi.org/10.1080/09593330.2021.1939795>. June.
- Lautenschlager, K., Hwang, C., Ling, F., Liu, W. T., Boon, N., Köster, O., Egli, T. e Hammes, F. (2014) “Abundance and composition of indigenous bacterial communities in a multi-step biofiltration-based drinking water treatment plant”. In *Water Research*, v. 62, p. 40–52. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2014.05.035>. October.
- Lião, X., Chen, C., Zhang, J., Dai, Y., Zhang, X. e Xie, S. (2015) “Operational performance, biomass and microbial community structure: impacts of backwashing on drinking water biofilter”. In *Environ. Sci. Pollut. Res.*, pages 546–554. Research Article. <https://doi.org/10.1007/s11356-014-3393-7>. January.
- Malley Jr., J. P., Eighmy, T. T., Collins, M. R., Royce, J. A. e Morgan, D. F. (1993) “The Performance and Microbiology of Ozone-Enhanced Biological Filtration”. In *American Water Works Association*, p. 47–57. December.
- Mauclaire, L., Schürmann, A. e Mermillod-Blondin, F. (2006) “Influence of hydraulic conductivity on communities of microorganisms and invertebrates in porous media: a case study in drinking water slow sand filters”. In *Aquatic Sciences*, v. 68, p. 100–108.
- Michelan, D. C. G. S., Sens, M. L. e Dalsasso, R. L. (2015) “Comparação da duração da carreira de filtração entre filtro lento com limpeza convencional e retrolavável”. In



- Scientia Plena, v. 11, n. 11, p. 1–6.
<https://doi.org/10.14808/10.14808/sci.plena.2015.113303>. Novembro.
- Ni'matuzahroh, Fitriani, N., Soedjono, E. S., Kuncoro, E. P., Mohamed, R. M. S. R. e Nugraha O'Marga T. T. (2020) "Visualization of the Microbial Community and Elemental Mapping of Anadara granosa Media Used in a Slow Sand Filter Using a SEM-EDS". In Asian Journal of Water, Environment and Pollution, v. 17, n. 13, p.31–36. <https://doi.org/10.3233/AJW200032>. August.
- Nitzsche, K. S., Weigold, P., Lösekann-Behrens, T., Kappler, A. e Behrens, S. (2015) "Microbial community composition of a household sand filter used for arsenic, iron, and manganese removal from groundwater in Vietnam". In Chemosphere, v. 138, p. 47-59. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2015.05.032>. November.
- Oh, S., Hammes, F. e Liu, W.-T (2017) "Metagenomic characterization of biofilter microbial communities in a full-scale drinking water treatment plant". In Water Research, v. 128, p. 278–285. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2017.10.054>. January.
- Pompei, C. M. E., Ciric, L., Canales, M., Karu, K., Vieira, E. M. e Campos, L. C. (2017) "Influence of PPCPs on the performance of intermittently operated slow sand filters for household water purification". In Science of the Total Environment, v. 581–582, p. 174–185. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.12.091>. March.
- Terin, U. C. e Sabogal-Paz, L. P. (2019) "Microcystis aeruginosa and microcystin-LR removal by household slow sand filters operating in continuous and intermittent flows". In Water Research, v. 150, p. 29–39. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2018.11.055>. March.
- Van der Kooij, D., Veenendaal, H. R., Italiaander, R., Mark, E. J. e Dignum, M. (2018) "Primary Colonizing Betaproteobacteriales Play a Key Role in the Growth of Legionella pneumophila in Biofilms on Surfaces Exposed to Drinking Water Treated by Slow Sand Filtration". In Applied and Environmental Microbiology, v. 84, p. 1–50. <https://journals.asm.org/doi/10.1128/AEM.01732-18>. January.
- Wakelin, S., Page, D., Dillon, P., Pavelic, P., Abell, G. C. J., Gregg, A. L., Brodie, E., Desantis, T. Z., Goldfarb, K. C. e Anderson, G. (2011) "Microbial community structure of a slow sand filter schmutzdecke: a phylogenetic snapshot based on rRNA sequence analysis". In Water Science & Technology: Water Supply, p. 426–436. IWA Publishing. <https://doi.org/10.2166/ws.2011.063>. September.
- Wan, K., Zhang, M., Ye, C., Lin, W., Guo, L., Chen, S. e Yu, X. (2019) "Organic carbon: An overlooked factor that determines the antibiotic resistome in drinking water sand filter biofilm". In Environment International, v. 125, p. 117–124. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.01.054>. April.
- Webster, T. M. e Fierer, N. (2019) "Microbial Dynamics of Biosand Filters and Contributions of the Microbial Food Web to Effective Treatment of Wastewater-Impacted Water Sources". In Applied and Environmental Microbiology, pages 1-14. American Society for Microbiology, v. 85. <https://journals.asm.org/doi/10.1128/AEM.01142-19>. September.
- Zhang, S., Courtois, S., Gitungo, S., Raczko, R. F., Dyksen, J. E., Li, M. e Axe, L. (2018) "Microbial community analysis in biologically active filters exhibiting emerging



contaminant removal efficiency and impact of operating conditions”. In *Science of the Total Environment*, v. 640–641, p. 1455–1464. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.06.027>. November.

Zhao, X., Yang, Y., Feng, K., Wang, X., Liu, B., Xie, G. e Xing, D. (2021) “Self-regulating microbiome networks ensure functional resilience of biofilms in sand biofilters during manganese load fluctuations”. In *Water Research*, v. 188, p. 1–38. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2020.116473>. January.

Zhao, Y., Wang, X., Liu, C., Wang, S., Wang, X., Hou, H., Wang, J. e Li, H. (2019) “Purification of harvested rainwater using slow sand filters with low-cost materials: Bacterial community structure and purifying effect”. In *Science of The Total Environment*, v. 674, p. 344–354. Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.03.474>. July.