

Research Seminar



Carlota Vijande
(Predoctoral Researcher)

▪ **Title:**

Urban and industrial WWTP sludge as a source for bacteria with the potential to degrade pet: a multi-omics approach

▪ **Resumo/Abstract:**

Galego: Hoxe en día, a contaminación por plásticos é unha preocupación crecente, sobre todo no que respecta ao tereftalato de polietileno (PET), un dos polímeros plásticos máis producidos. Estudos recentes identificaron microorganismos capaces de degradar o PET, así como as enzimas implicadas neste proceso. Con todo, existe pouca información sobre o potencial das comunidades microbianas das estacións depuradoras de augas residuais (EDAR) neste campo. O obxectivo deste estudo foi investigar a capacidade das comunidades microbianas destas instalacións para degradar o PET e identificar as enzimas responsables deste proceso. Para iso, recolléronse mostras de lodos activos de dúas instalacións distintas -unha EDAR urbana e unha EDAR industrial- e cultiváronse con PET de distintas cristalinidades. Para analizar as biopelículas empregáronse técnicas de metaxenómica e metaproteómica. Polo xeral, os microorganismos máis abundantes nas biopelículas pertencen aos filos *Pseudomonadota*, *Bdellovibrionota*, *Planctomycetota* e *Bacteroidota*, e a fonte de inóculo e o principal factor determinante das diferenzas na composición da comunidade. A análise mediante metaxenómica mostrou a presenza de xenes homólogos ás enzimas descritas na degradación do PET en todas as biopelículas; con todo, a análise mediante metaproteómica confirmou a súa expresión só nas biopelículas procedentes do inóculo da EDAR industrial. En xeral, este estudo destaca a presenza e expresión de enzimas en biopelículas derivadas de EDAR para a potencial degradación do PET.

Grazas por asistir!



Location: ETSE-Aula de Proxectos

Date: May 22nd 2025

Time: 13:30-14:00

English: Plastic pollution is a growing concern, particularly regarding polyethylene terephthalate (PET), one of the most widely produced plastic polymers. Recent studies have identified microorganisms capable of degrading PET, as well as the enzymes involved in this process. However, there is limited information on the potential of microbial communities from wastewater treatment plants (WWTPs) in this area. This study aimed to investigate the ability of microbial communities from WWTPs to degrade PET and to identify the enzymes responsible for this process. For this purpose, activated sludge samples were collected from two distinct facilities-one urban WWTP and one industrial WWTP-and cultivated with PET of varying crystallinities. Whole metagenome sequencing and shotgun metaproteomics were used to analyze the developed biofilms. The most abundant microorganisms in the biofilms belonged to the phyla *Pseudomonadota*, *Bdellovibrionota*, *Planctomycetota*, and *Bacteroidota*, with the inoculum source being the main factor driving differences in the community composition. Metagenomic analysis showed the presence of genes homologous to enzymes reported in PET degradation in all biofilms; however, metaproteomic analysis confirmed their expression only in the biofilms from the industrial WWTP inoculum. Overall, this study highlights the presence and expression of enzymes in WWTP-derived biofilms for potential PET degradation.

Thank you for attending!