



XXV ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES
VII MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA

De 17 a 19 de outubro de 2017
Campus-Sede da UCS • Caxias do Sul



IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE CONSÓRCIOS MICROBIANOS PRODUTORES DE BIO-HIDROGÊNIO A PARTIR DA DEGRADAÇÃO DA VINHAÇA DE CANA-DE-AÇÚCAR

Gabriela Machado de Almeida (PROBIC-FAPERGS), Denis da Maia Soares; Flaviane Eva Magrini; Lademir Luiz Beal; Adriana Giongo; Maurício Moura da Silveira, Suelen Osmarina Paesi (Orientadora(a))

O Brasil é o segundo maior produtor de etanol do mundo e para cada litro de etanol produzido são gerados cerca de 10 a 15 litros de vinhaça de cana-de-açúcar. A vinhaça é utilizada como fertilizante no cultivo da cana; no entanto, a longo prazo, seu uso pode causar desertificação e salinização dos solos, ocasionando a redução da produtividade. Por outro lado, a vinhaça apresenta potencial de aproveitamento na produção de energia na forma de hidrogênio. O objetivo deste trabalho foi identificar por DGGE (*Denaturing Gradient Gel Electrophoresis*) e sequenciamento de alto desempenho microrganismos de consórcios capazes de produzir hidrogênio a partir da vinhaça. Os consórcios foram inoculados em meios contendo vinhaça pura nas concentrações de 7, 10 e 15 g/L DQO, em anaerobiose, a 37°C, sob agitação orbital de 140 rpm. As amostras de consórcios microbianos em que se observaram as maiores produções de hidrogênio foram analisadas por DGGE (Biorad) e por sequenciamento de alto desempenho (*Ion PGM* - Thermo Fisher). As análises de DGGE revelaram um perfil microbiológico das bandas similar entre as diferentes concentrações de vinhaça analisadas. A análise genética das bandas do gel de DGGE mostrou a predominância de bactérias do gênero *Clostridium* em todas as concentrações de vinhaça. As amostras de vinhoto puro, com pH inicial 6,0 no tempo inicial e no auge da produção de hidrogênio, foram analisadas por sequenciamento de alto desempenho. Os resultados do sequenciamento revelaram a diferença microbiana entre a amostra inicial e a amostra avaliada no alto da produção de hidrogênio. Na amostra inicial, há uma maior diversidade microbiana, com a presença de diferentes filos (Bacterioides, Proteobacteria, Euryarchaeota, Firmicutes, Cyanobacteria, Planctomycetes, Chloroflexi), enquanto que na amostra da produção de hidrogênio houve uma redução do número de filos, ocorrendo a predominância do filo Firmicutes (88% do total de sequências analisadas). Neste filo, encontra-se o gênero *Clostridium*, que é um dos principais microrganismos produtores de hidrogênio e que foi predominante também na análise de DGGE. Estes resultados demonstram que a metodologia utilizada permite selecionar e identificar, eficientemente, microrganismos capazes de sobreviver em anaerobiose, metabolizar vinhaça e produzir hidrogênio como produto da fermentação.

Palavras-chave: identificação molecular, consórcios microbianos, hidrogênio

Apoio: UCS, FAPERGS