



SEQUENCIAMENTO DE ALTO DESEMPENHO DA COMUNIDADE MICROBIANA PRODUTORA DE HIDROGÊNIO A PARTIR DE GLICEROL RESIDUAL

Leandro Gois de Almeida (BIC-UCS), Darliane Andreis, Ariela Schiavenin, Adriana Giongo, Flaviane Eva Magrini, Suelen Osmarina Paesi (Orientador(a))

O hidrogênio pode ser produzido por microrganismos isolados ou em consórcios microbianos a partir de processos como a digestão anaeróbica de resíduos agroindustriais. O hidrogênio é um combustível de alta energia e é uma alternativa para a substituição dos combustíveis fósseis. Simultaneamente, a produção de biodiesel vem aumentando, e com ele a geração de subprodutos como o glicerol, que pode ser empregado como substrato na fermentação por consórcios produtores de hidrogênio. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi identificar consórcios microbianos produtores de hidrogênio provenientes de quatro diferentes lodos de estações de tratamento. As amostras de lodo foram coletadas de indústrias vinícola (WI); de óleos vegetais (VOI); de alimentos (FI) e de tratamento de esgoto doméstico (DT). Os ensaios de produção de hidrogênio foram conduzidos em anaerobiose, com meio de cultivo com glicerol residual e inóculo após tratamento térmico. A mensuração de gases foi realizada por cromatografia gasosa. O lodo VOI apresentou a maior produção de H_2 de $97 \text{ mmol } H_2 \cdot L^{-1}$, seguido dos lodos WI ($70,3 \text{ mmol } H_2 \cdot L^{-1}$) e FI ($62 \text{ mmol } H_2 \cdot L^{-1}$). Dos lodos com maior rendimento de H_2 (VOI e WI) foram realizadas a identificação das comunidades microbianas (T0 e após 72 horas de fermentação) por sequenciamento de alto desempenho através da análise de metabarcoding do 16S rRNA. Para o inóculo WI, os filos mais abundantes em T0 foram Proteobacteria (18,7%), Chloroflexi (24%) e Bacteroidetes (41,8%). Em T72, o filo Firmicutes foi o mais prevalente, com 93,7% das sequências totais. E para gênero em WI (T72) obteve-se uma OTU pertencente a família *Clostridiaceae*, uma OTU pertencente a família *Peptostreptococcaceae* e o gênero *Clostridium* com abundância de 36,6%, 27,2%, e 25,7% do total de sequências respectivamente. Já para VOI os filos mais representativos em T0 foram Proteobacteria (32,9%) e Bacteroidetes (23,3%) e após a fermentação (T72) o filo Firmicutes foi o mais abundante com 87,2%. Para gênero em T72 obteve-se uma OTU pertencente a família *Clostridiaceae*, o gênero *Clostridium* e uma OTU pertencente a família *Peptostreptococcaceae* com prevalência 35%, 30,2% e 20,5% do total das sequências. Tanto para WI como para OV foram observados maior número de filos e gêneros em T0 e o filo Firmicutes foi o predominante em ambas as análises em T72. O conhecimento da composição da comunidade microbiana, antes e após a fermentação, permite projetar processos de incremento da produção do hidrogênio.

Palavras-chave: Identificação de microrganismos, Hidrogênio, Glicerol

Apoio: UCS