

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 Giõngo, Flaviane Eva Magrini, Suelen Osmarina Paesi (Orientadora)

ONDE TEM PESQUISA,
TEM DESENVOLVIMENTO.

XXVI ENCONTRO DE JOVENS PESQUISADORES
VIII MOSTRA ACADÊMICA DE INOVAÇÃO E TECNOLOGIA

Introdução

O hidrogênio pode ser produzido por microrganismos isolados ou em consórcios microbianos a partir de processos como a digestão anaeróbia de resíduos agroindustriais. O hidrogênio é um combustível de alta energia e uma alternativa para a substituição dos combustíveis fósseis. Simultaneamente, a produção de biodiesel vem aumentando, e com ele gera subprodutos como o glicerol, que pode ser empregado como substrato na fermentação para a produção de hidrogênio utilizando consórcios produtores como inóculo.

Objetivo

Identificar consórcios microbianos produtores de hidrogênio provenientes de quatro diferentes lodos de estações de tratamento.

Metodologia

Foram coletadas 4 amostras de lodos de diferentes atividades industriais: vinícola (WI); óleo vegetal (VOI); alimentos (FI) e de tratamento de esgoto doméstico (DST). Os ensaios de produção de hidrogênio foram conduzidos em anaerobiose, com meio de cultivo contendo glicerol residual e distintos lodos como inóculo, após tratamento térmico (90°-10min). A mensuração de gases foi realizada por cromatografia gasosa. Os inóculos que apresentaram a maior produção de hidrogênio foram submetidos a identificação das comunidades microbianas no tempo inicial (T0) e após 72 horas de fermentação (T72), por sequenciamento de alto desempenho, através da análise de metabarcoding do 16S rRNA utilizando Ion Torrent PGM System.

Resultados

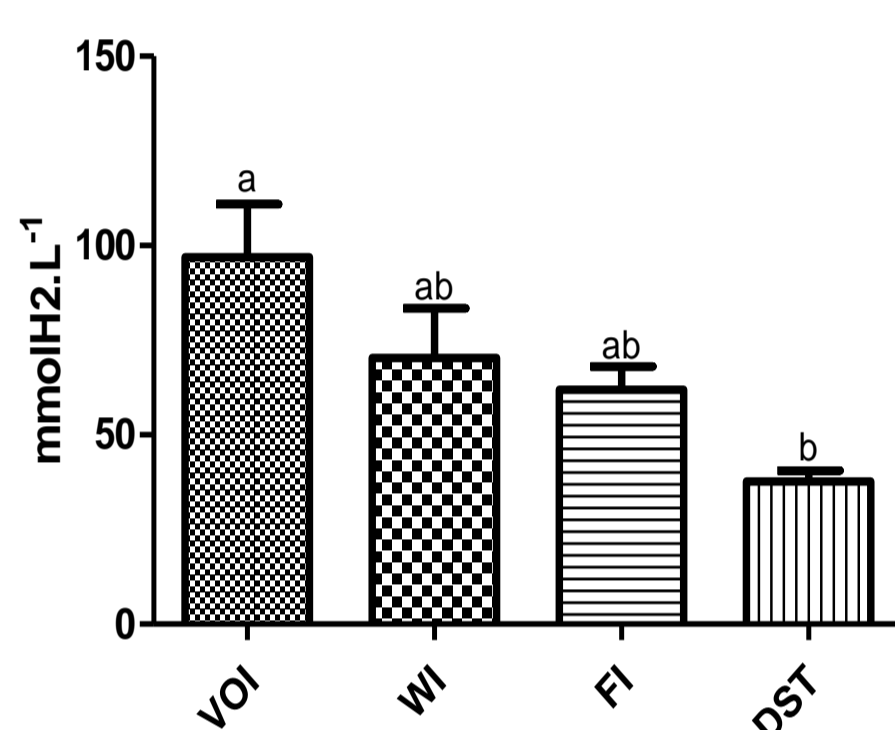


Figura 1. Produção de hidrogênio de diferentes inóculos

O lodo VOI apresentou a maior produção de H₂ de 97 mmol H₂.L⁻¹, seguido dos lodos WI (70,3 mmol H₂.L⁻¹) e FI (62 mmol H₂.L⁻¹).

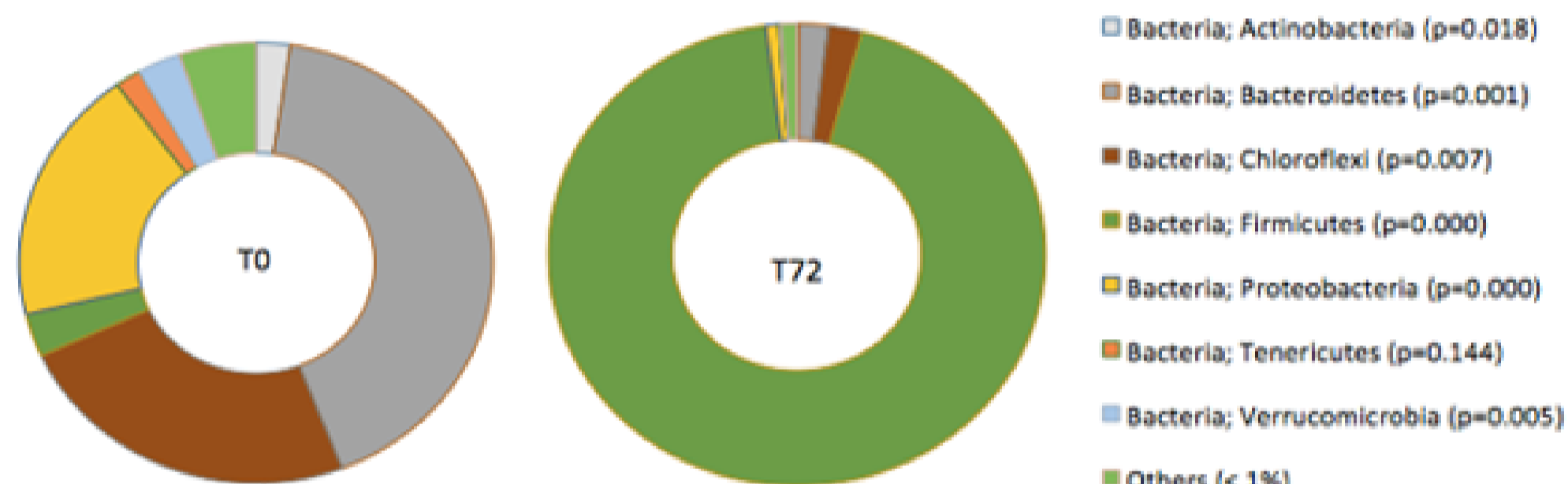


Figura 2. Perfil taxonômico do inóculo WI em T0 e T72 classificado à nível de filo de acordo com a análise do metabarcoding 16S.

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.

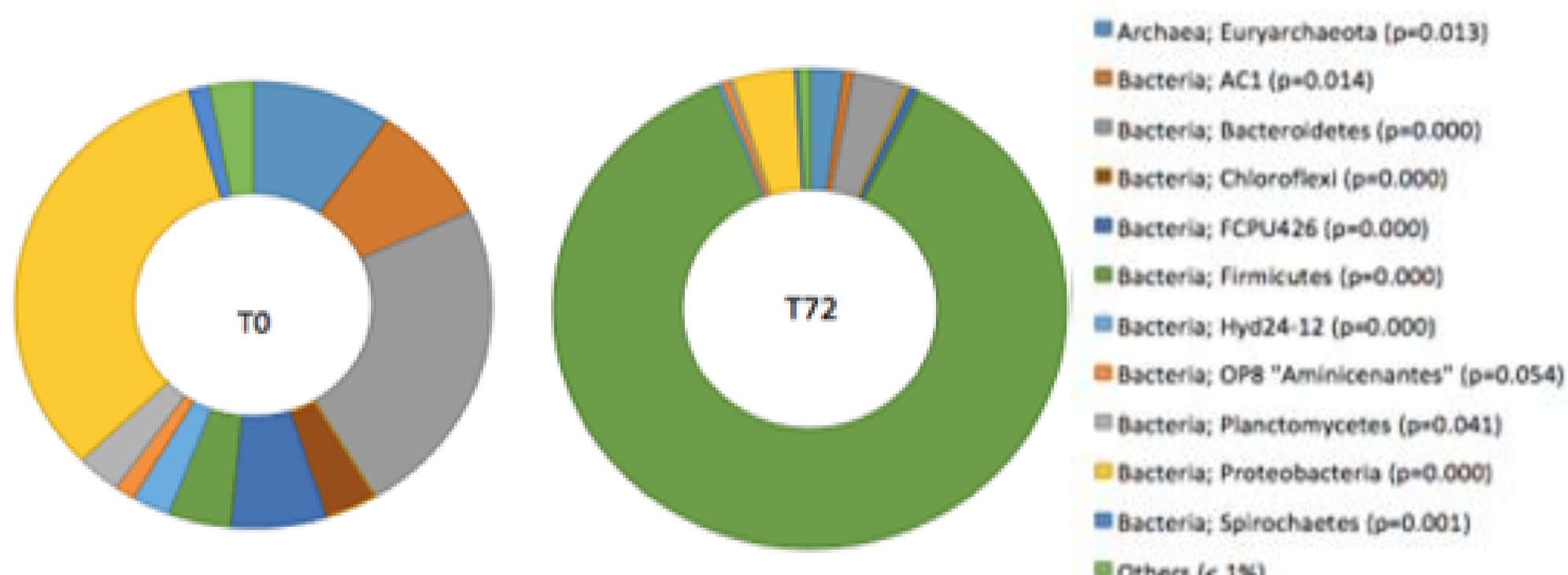


Figura 3. Perfil taxonômico do inóculo VOI em T0 e T72 classificado à nível de filo de acordo com a análise do metabarcoding 16S.

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%.

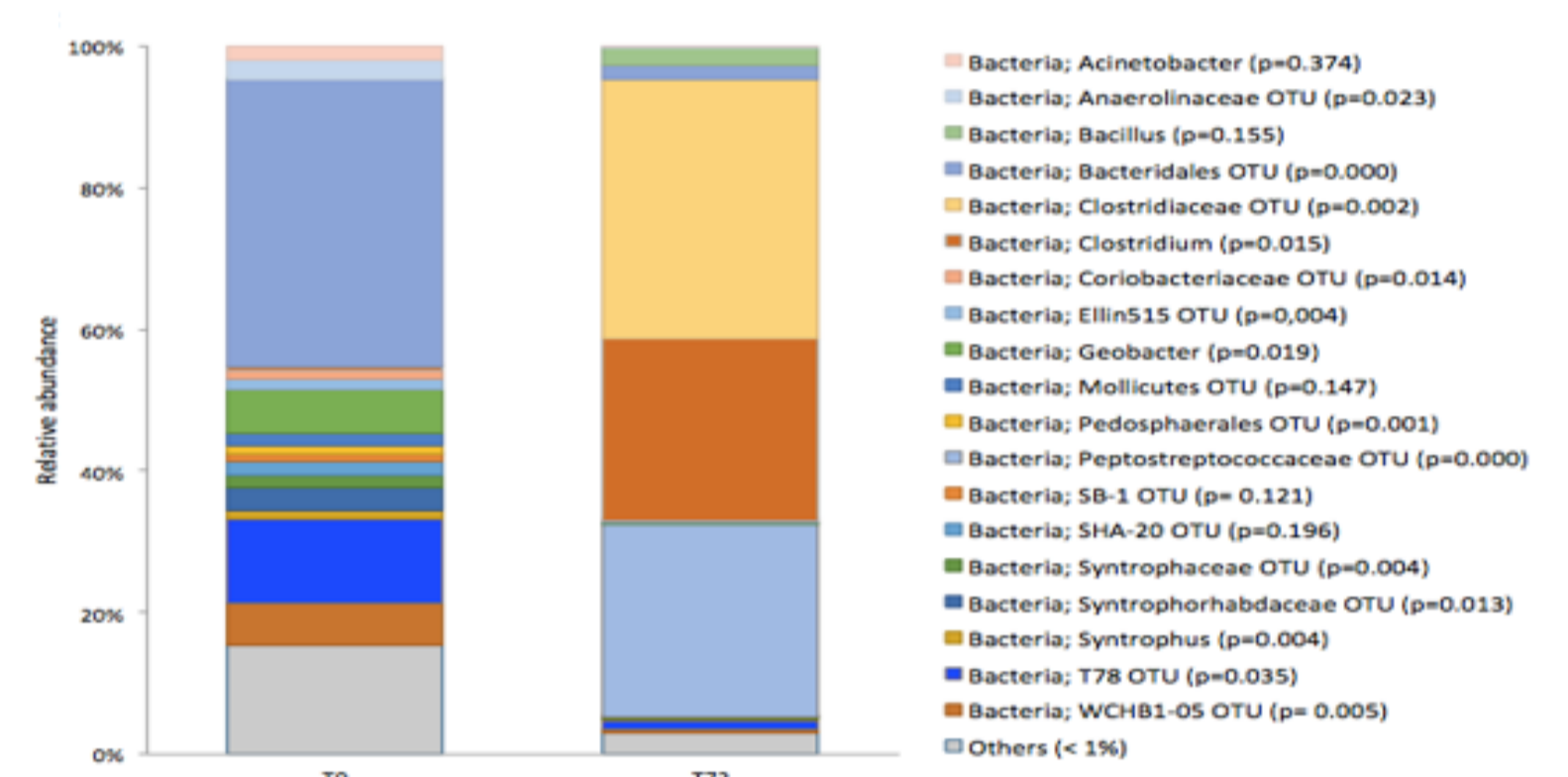


Figura 4. Perfil de abundância dos gêneros encontrados no inóculo WI em T0 e T72.

E a nível de gênero, em WI (T72) as maiores abundâncias foram para OTU (Unidade Taxonômica Operacional) pertencente a família Clostridiaceae (36,6%), OTU pertencente a família Peptostreptococcaceae (27,2%) e o gênero *Clostridium* (25,7%), do total de sequências analisadas.

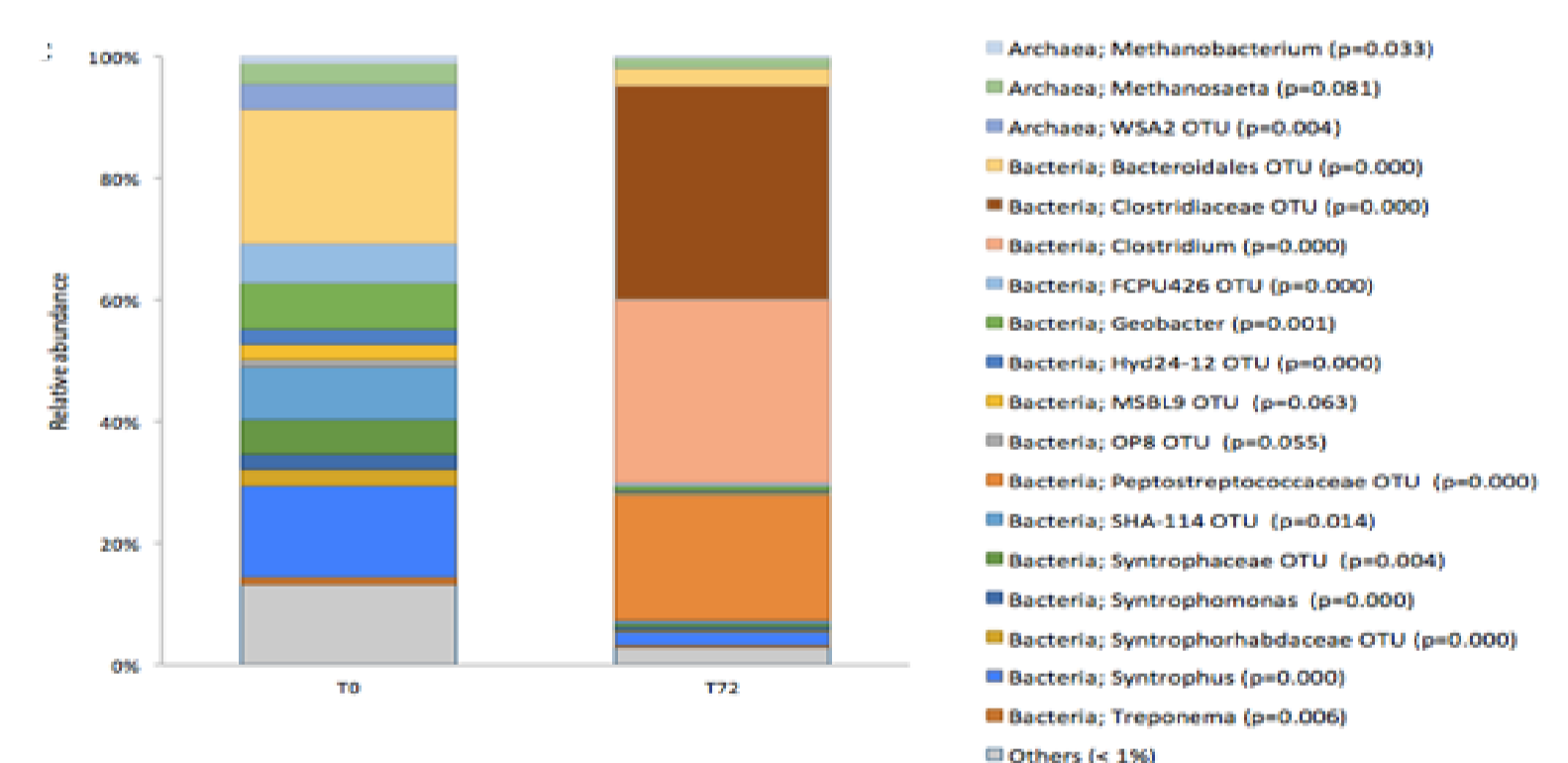


Figura 5. Perfil de abundância dos gêneros encontrados no inóculo VOI em T0 e T72.

Para o inóculo de indústria de óleo vegetal (VOI) as OTUs mais abundantes em T72 foram as mesmas do inóculo WI, com 35% pertencente à OTU da família Clostridiaceae, 30,2% do gênero *Clostridium* e 20,5% para a OTU pertencente a família Peptostreptococcaceae.

Conclusão

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 prospectar processos da produção do hidrogênio.

APOIO:

