



## **IMPORTÂNCIA DA IDENTIFICAÇÃO TAXONÔMICA E DA CARACTERIZAÇÃO METABÓLICA FUNCIONAL NOS ECOSISTEMAS MICROBIANOS ANAERÓBIOS DE PRODUÇÃO DE BIOGÁS**

Igor Machado Sophiatti (Estágio UCS), Flaviane Eva Magrini, Suelen Osmarina Paesi (Orientador(a))

A crise energética é mundial e a diversificação da sua matriz é garantia de sucesso nas atividades antrópicas, contudo, somente as energias renováveis dão segurança ambiental e estabilidade econômica. O agravamento da atual crise climática e geopolítica também têm levado a uma expansão nos interesses por alternativas autossustentáveis de produção de energia, como a digestão anaeróbia para a geração de biogás a partir de resíduos e efluentes agroindustriais. A compreensão do papel da comunidade microbiana participante do processo de bioconversão de resíduos pode direcionar o processo para uma melhor eficiência na geração de energia. Este trabalho tem como objetivo apontar a importância da análise genômica de comunidades de microrganismos atuantes nas diferentes etapas da digestão anaeróbia, assim como a análise de predição funcional de genes envolvidos em vias metabólicas específicas. A digestão anaeróbica ocorre em diferentes etapas com a participação de organismos específicos, como por exemplo, os gêneros *Bacillus*, *Clostridium* e *Staphylococcus* que participam da fase de hidrólise onde compostos orgânicos complexos (carboidratos, proteínas, lipídeos) são reduzidos a compostos mais simples. Os gêneros *Streptococcus*, *Pseudomonas*, *Clostridium*, *Bacterioides*, *Lactobacillus* e *Desulfovibrio* realizam a acidogênese gerando ácidos graxos voláteis, importantes para a fase acetogênica onde diferentes gêneros produzem acetato, dióxido de carbono e hidrogênio, essenciais para a fase final da digestão anaeróbia, onde diferentes gêneros de arqueias metanogênicas (*Methanobacterium*, *Methanosaeta*, *Methanospirillum* e *Methanosarcina*) produzem metano. A análise da microbiota se dá através da construção de bibliotecas metagenômicas realizadas a partir do DNA extraído de amostras de biodigestores. Análises de bioinformática podem ser aplicadas para identificar microrganismos-chave a partir de bancos de dados de bibliotecas de referência em comunidades complexas, como as de reatores de produção de biogás. Com isto, ressalta-se a importância de conciliar as características físico-químicas com as diferentes interações do microbioma presente nos biodigestores de geração de biogás. Adicionalmente, compreender os genes e vias metabólicas envolvidas no processo melhoram o aproveitamento na conversão dos resíduos a fim de assegurar as atividades econômicas com os impactos ambientais por elas gerados.

Palavras-chave: Metataxonomia, Digestão anaeróbia, Biogás

Apoio: UCS