



ESTÁGIO - UCS

Caracterização taxonômica e funcional de microbiomas anaeróbios em tratamento de resíduos de cervejaria para produção de biometano

Metagenômica2

Igor Machado Sophiatti (Estágio UCS), William Gustavo Sganzerla, Flaviane Eva Magrini, Suélen Osmarina Paesi (orientadora)



INTRODUÇÃO / OBJETIVO

A digestão anaeróbia (DA) de resíduos agroindustriais para geração de biogás é uma opção promissora para mitigar os impactos da atual crise climática. Para melhor aproveitamento destes resíduos, é crucial compreender a complexa interação entre microrganismos nas diferentes etapas desse processo de bioconversão. Na indústria cervejeira, há um consumo significativo de água e energia, assim como geração de resíduos sólidos que podem ser aproveitados para geração de energia. O presente estudo buscou realizar a identificação taxonômica e predição funcional metabólica de consórcios microbianos caracterizados pela co-digestão anaeróbia de subprodutos de cervejaria para produção de metano.

RESULTADOS

Foram identificados genes cruciais para as diferentes etapas da produção de metano em abundância em ambas as amostras.

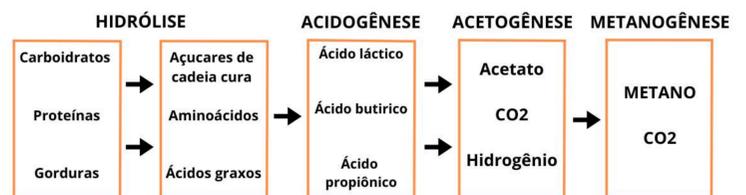


Figura 3: Etapas da digestão anaeróbia

MATERIAL E MÉTODOS

A primeira etapa consistiu na extração e amplificação do DNA presente em amostras dos reatores para posterior sequenciamento das regiões V3 e V4 do gene 16S rRNA, dos domínios Archaea e Bacteria. Após processamento das análises a partir de ferramentas de bioinformática, a identificação taxonômica foi realizada com banco de dados SILVA. A predição funcional metabólica foi efetuada com PICRUST2 e BURRITO, com posterior inferência gênica a partir do banco KEGG Orthology.

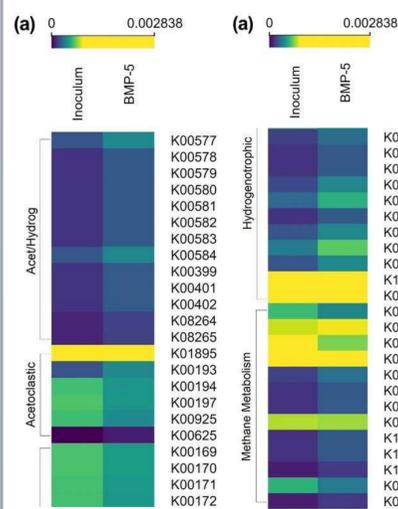
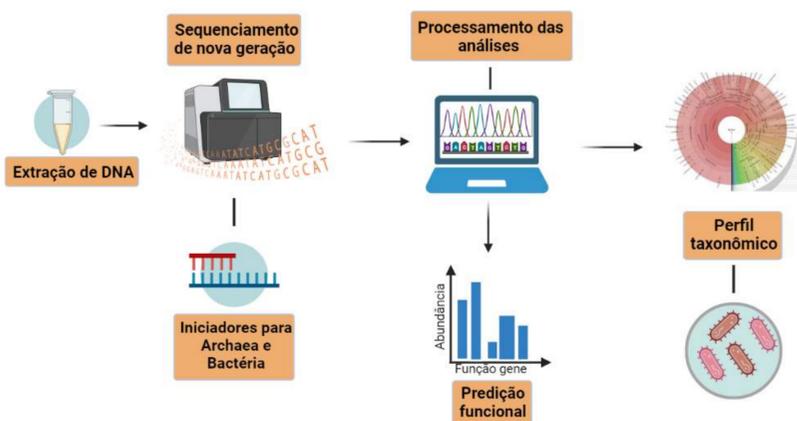


Figura 4: Principais genes identificados

Em Inoculum, foi observado em abundância genes como Acetil-CoA sintetase (K01895) e fosfato acetiltransferase (K00625) relacionados com a via acetoclástica. Genes que codificam enzimas envolvidas na metanogênese hidrogenotrófica, como formilmetanofuran desidrogenase (K00201), coenzima F420 hidrogenase (K00441) e 5,10-metilenotetrahidrometanopterina redutase (K00320) foram encontrados em maior abundância na amostra BMP-5. A presença destes genes indica maior produção de biometano por essas vias metabólicas específicas.

RESULTADOS

No total, foram identificados 9 filos e mais de 170 gêneros. No inóculo de lodo UASB (inoculum), o táxon dominante foi *Syntrophobacter* (48%), que compõe espécies que favorecem a via acetoclástica de metanogênese ao converter propionato em acetato. Na amostra de reator de co-digestão de resíduos de cervejaria (BMP-5), houve predominância de *Methanosaeta* (28,7%) e *Methanobacterium* (13,02%), arqueias fundamentais no processo de produção de metano.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Compreender a dinâmica dos organismos presentes nos ecossistemas de digestão anaeróbia pode permitir o desenvolvimento de estratégias visando potencializar a conversão de resíduos de grãos de cervejaria em biogás e biometano. As informações obtidas são fundamentais, possibilitando promover sustentabilidade à indústria, diminuindo os impactos ecológicos e viabilizando a elaboração de tecnologias de forma a mitigar o avanço da atual crise climática.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

FRANCIELE NATIVIDADE LUIZ et al. Metataxonomic characterization of the microbial community involved in the production of biogas with microcrystalline cellulose in pilot and laboratory scale. v. 39, n. 7, 6 maio 2023.

LI, Y. et al. Deeper insights into the effects of substrate to inoculum ratio selection on the relationship of kinetic parameters, microbial communities, and key metabolic pathways during the anaerobic digestion of food waste. *Water Research*, v. 217, p. 118440, jun. 2022.

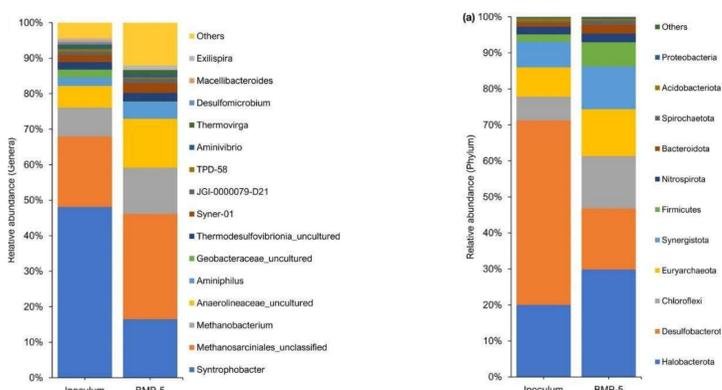


Figura 1: Gêneros identificados

Figura 2: Filos identificados