



## **CARACTERIZAÇÃO TAXONÔMICA E FUNCIONAL DE MICROBIOMAS ANAERÓBIOS EM TRATAMENTO DE RESÍDUOS DE CERVEJARIA PARA PRODUÇÃO DE BIOMETANO**

Igor Vinicius Machado Sophiatti (Estágio UCS), Willian Sganzerla, Flaviane Magrini, Suelen Osmarina Paesi (Orientador(a))

A busca por fontes de energia limpa tornou-se primordial no combate ao avanço da crise climática. Nesse contexto, a produção de biogás a partir da digestão anaeróbia (DA) de resíduos agroindustriais surge como uma alternativa promissora para a geração de energia sustentável. Na indústria cervejeira há um consumo significativo de água e energia, resultando na geração de volumes substanciais de águas residuais e subprodutos sólidos que podem ser aproveitados para geração de biogás. O processo de DA consiste em diferentes etapas onde bactérias específicas efetuarão a hidrólise de macromoléculas, geração de ácidos graxos na acidogênese, seguido por formação de acetato, dióxido de carbono e hidrogênio na acetogênese. Esses compostos são fundamentais para a metanogênese, etapa final onde arqueias produzirão metano. O objetivo deste estudo foi realizar a identificação taxonômica e predição funcional metabólica de consórcios microbianos em ambientes caracterizados pela co-digestão anaeróbica de subprodutos derivados de cervejaria para geração de metano. Foram coletadas amostras para extração do DNA dos inóculos (lodo UASB) e dos reatores de co-digestão com águas residuais e grãos de cerveja. O sequenciamento de nova geração foi empregado utilizando a plataforma Illumina Miseq das regiões V3-V4 do gene 16S rRNA dos domínios Archaea e Bacteria. A anotação taxonômica foi obtida por meio do banco de dados SILVA. Com PICRUSt2 e BURRITO foi realizado a predição funcional e posterior inferência gênica (KEGG Orthology). Os resultados da análise taxonômica mostraram mais de 170 gêneros. *Syntrophobacter* (48%) foi o táxon dominante no inóculo inicial. Este grupo de bactérias compreende espécies que convertem propionato em acetato, favorecendo a via metabólica acetoclástica que é fundamental para a metanogênese. As amostras de co-digestão apresentaram redução de *Syntrophobacter* (16,46%), acompanhada de uma abundância significativa de arqueias metanogênicas como *Methanosaeta* (28,7%) e *Methanobacterium* (13,02%). Genes cruciais para a ativação de acetato foram identificados em abundância como acetato quinase, Acetil-CoA sintetase e fosfato acetiltransferase, indicando prevalência de via acetoclástica. Compreender a complexa dinâmica dos organismos dentro dos biodigestores pode auxiliar no desenvolvimento de estratégias para potencializar a conversão de resíduos de grãos de cervejaria em biogás e mitigar os impactos ambientais promovendo sustentabilidade à indústria.

Palavras-chave: Digestão anaeróbia, resíduos cervejaria, taxonomia microbiana

Apoio: UCS