

PROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE LEVEDURAS ASSOCIADAS A PLANTAS DO GÊNERO *AGAVE* PARA APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS

Palavras-Chave: Caldo de Agave; Etanol 1G; Prospecção microbiana.

Autores(as):

MARINA VICTORIA FREITAS DE OLIVEIRA, IB – UNICAMP MSc(a). LARA ISENSEE SABOYA DE SOUSA, coorientadora, UNICAMP MSc(a). BEATRIZ DE OLIVEIRA VARGAS, coorientadora, UNICAMP DR(a). FLÁVIA ALVARENGA, coorientadora, UNICAMP DR. FELLIPE DA SILVEIRA BEZERRA DE MELLO, coorientador, UNICAMP PROF. DR. GONÇALO AMARANTE GUIMARÃES PEREIRA, orientador, UNICAMP

1. INTRODUÇÃO

O crescimento econômico sustentável requer utilização de recursos renováveis, como biomassa vegetal, resíduos agrícolas e florestais, para promover a redução gradual da dependência de combustíveis fósseis. O aquecimento global está associado a modificações ecossistêmicas extremas que culminam, por exemplo, na desertificação de diversas áreas do planeta. No Brasil, o fenômeno acomete principalmente a região semiárida, porém há tendência de avançar progressivamente para outras regiões. O semiárido brasileiro é caracterizado por apresentar baixos índices pluviométricos e longos períodos de seca, mas devido às crescentes mudanças climáticas a degradação do solo tem avançado de forma mais significativa [1]. As plantas do gênero Agave apresentam produtividade em zona semiárida devido a pouca exigência de água e nutrientes para sobreviver, devido à sua fisiologia metabólica, possibilitando maior resistência a longos períodos de seca, tornando-se uma potencial cultura para a bioenergia neste cenário [2]. Os microrganismos, como as leveduras, são os principais atores nos processos biotecnológicos para a produção de diversas moléculas, como o etanol, a partir dos açúcares desta biomassa. No caso do caldo de Agave sp., a utilização de leveduras não convencionais torna-se uma atraente alternativa para biossíntese, dado uma melhor capacidade de adaptar-se às condições deste substrato e, portanto, fornecer melhor rendimento de bioprocessos quando comparado a levedura Saccharomyces cerevisiae [2,3]. Diante disso, este trabalho tem como objetivo a avaliação do potencial biotecnológico de leveduras associadas ao caldo de diferentes plantas do gênero Agave e identificação morfológica e molecular das espécies mais promissoras.

2. METODOLOGIA

As folhas basais, medianas e apicais de cinco espécies de *Agave – Agave tequilana*, *Agave sisalana*, *Agave wercklei*, *Agave* híbrido IAC4 e *Agave* híbrido H11648 – foram coletadas e processadas em moinho de facas, seguido de extração do substrato líquido em filtro prensa, nomeado caldo ou suco da folha. Este foi plaqueado diretamente em meio Rosa Bengala (Agar DRBC) e WLN (Wallerstein Laboratory Nutrient Agar), bem como em experimentos independentes de crescimento microbiano: fermentação espontânea do caldo e enriquecimento seletivo para espécies fermentativas. As leveduras isoladas foram organizadas em bibliotecas em placas de 96 poços, as quais serão utilizadas para caracterização quanto à produção de etanol em experimentos de fenotipagem em alto rendimento. Para identificação preliminar das espécies de leveduras, foram empregados meios seletivos e cromogênicos como Meio WLN, Meio Ágar Cândida, Meio Diferencial de *Kluyveromyces* (KDM) e Meio Ágar Lisina. Para a identificação molecular, o DNA genômico de leveduras foi extraído pela metodologia fenol/clorofórmio e serão identificadas a partir de ensaios moleculares de amplificação e sequenciamento da região do ITS e D1/D2.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 ISOLAMENTO MICROBIOLÓGICO

O isolamento microbiológico resultou em um total de 238 cepas (Tabela 1), obtidas a partir do plaqueamento dos caldos antes e após a incubação. Ao destrinchar os dados por espécie vegetal, observou-se que, em conjunto, a *A. sisalana*, *A. wercklei* e *A.* IAC4 obtiveram 64 colônias isoladas (Figura 1); enquanto que a *A. tequilana* apresentou o maior número de isolados, com um total de 118 colônias (Figura 2); e, por fim, *A.* H11648 resultou em 56 colônias (Figura 3). A partir dessa distribuição, nota-se que a espécie *A. tequilana* demonstrou não apenas um maior número de colônias, como também maior diversidade morfológica, observada a partir da variedade de cepas obtidas em diferentes momentos de cultivo.

	Caldo Bruto		Fermentação espontânea 72h	
	Morfotipos diferentes	Isolados	Morfotipos diferentes	Isolados
Agave sisalana	2	4	5	10
Agave wercklei	9	18	1	2
Agave IAC4	6	12	3	6
pinã <i>Agave</i> <i>wercklei</i>	-	-	6	12
Total dos isolados		34		30

Agave H11648	Diferentes morfotipos	Total isolado
Caldo Cru	7	14
Enriquecimento 42h	6	12
Enriquecimento 72h	3	6
Fermentação espontânea 42h	5	10
Fermentação espontânea 72h	7	14
Total dos isolados		56

Agave tequilana	Diferentes morfotipos	Total isolado
Caldo Cru	3	6
Enriquecimento 24h	9	18
Enriquecimento 42h	14	28
Fermentação espontânea 42h	12	24
Fermentação espontânea 72h	21	42
Total dos isolados	118	

Tabela 1: Total de isolados obtidos a partir do plaqueamento dos caldos antes e após a incubação, resultando na obtenção de 238 cepas.

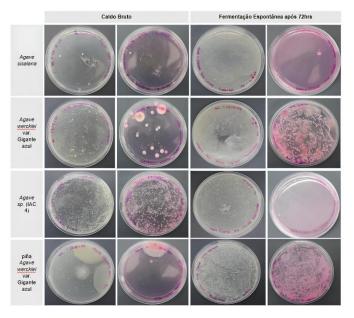


Figura 1: Isolamento e contagem das cepas obtidas após plaqueamento do caldo bruto e do caldo fermentado em A. sisalana, A. wercklei e A. IAC4. Figura autoral, 2025.

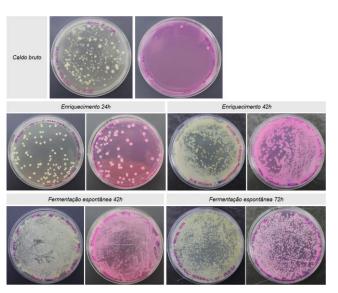


Figura 2: Isolamento e contagem das cepas obtidas após plaqueamento do caldo bruto, fermentado e enriquecido da A. tequilana . Figura autoral, 2025.

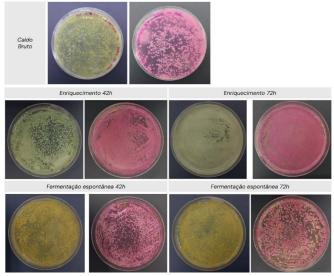


Figura 3: Isolamento e contagem das cepas obtidas após plaqueamento do caldo bruto, fermentado e enriquecido da A. H11648. Figura autoral. 2025

3.2 IDENTIFICAÇÃO PRELIMINAR EM MEIOS SELETIVOS E CROMOGÊNICOS

A identificação preliminar por meio das bibliotecas carimbadas em meios seletivos e cromogênicos, permitiram inferências fenotípicas importantes referentes ao perfil metabólico e a diversidade dos microrganismos isolados. No meio WLN (A) a acidificação evidenciada pela mudança de coloração indica a produção de ácidos orgânicos. Enquanto no meio KDM (B) não foi observada a coloração azul característica da atividade da β-galactosidase, impossibilitando a identificação de cepas do gênero *Kluyveromyces*. Por outro lado, no meio Ágar Cândida (C), que diferencia colônias com base em sua coloração e morfologia, foi possível identificar uma variedade de fenótipos, o que permite inferir a presença de diferentes gêneros no cultivo. Já no meio Ágar Lisina (D), houve maior formação de

colônias evidenciando uma vasta gama de leveduras não convencionais, visto que a *Saccharomyces* cerevisiae não se desenvolve nesse ambiente.

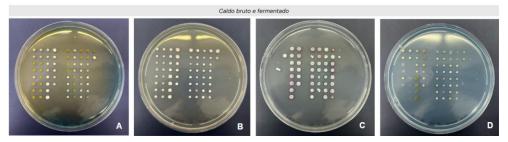


Figura 4: Identificação preliminar em meios de cultura seletivos e cromogênicos, a coluna à esquerda representa as cepas oriundas da fermentação, enquanto a coluna à direita o caldo bruto. Em A - Meio Wallerstein Nutrient (WLN), B - Meio Diferencial de Kluyveromyces (KDM), C - Meio Ágar Cromogênico Cândida e em D - Meio Ágar Lisina. Figura autoral, 2025.

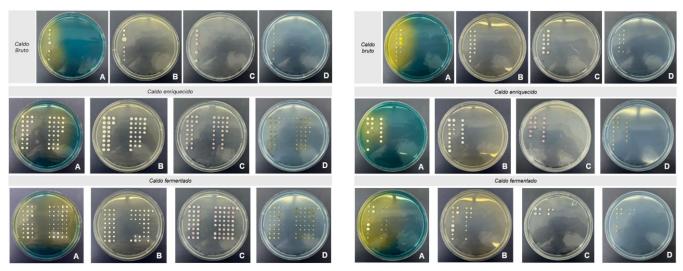


Figura 5: Identificação preliminar em meios de cultura seletivos e cromogênicos da A. H11648. Em A - Meio Wallerstein Nutrient (WLN), B - Meio Diferencial de Kluyveromyces (KDM), C - Meio Ágar Cromogênico Cândida e em D - Meio Ágar Lisina. Figura autoral, 2025.

Figura 6: Identificação preliminar em meios de cultura seletivos e cromogênicos da A. tequilana. Em A - Meio Wallerstein Nutrient (WLN), B - Meio Diferencial de Kluyveromyces (KDM), C – Meio Ágar Cromogênico Cândida e em D - Meio Ágar Lisina. Figura autoral, 2025.

3.3 IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR

A amplificação da região ITS do rDNA resultou, em algumas amostras, na visualização de mais de uma banda, o que pode estar associado à presença de DNA genômico misto, pseudogenes ou variações intragenômicas. Contudo, foram obtidas bandas únicas e bem definidas em 161 das 238 colônias analisadas, com tamanhos variando entre, aproximadamente, 500 pb e 750 pb, faixa compatível com o esperado para a região ITS em leveduras e fungos filamentosos. As amostras com amplificação satisfatória foram selecionadas para sequenciamento e análise filogenética por meio da comparação com bancos de dados genômicos, como NCBI. Dentre as 32 cepas sequenciadas originadas das espécies *A. sisalana, A. wercklei* e *A.* IAC4, observou-se uma predominância de *Clavispora lusitaniae* (68,75%), seguida por *Kluyveromyces marxianus* (15,63%), *Meyerozyma guilliermondii* (12,5%) e *Rhodotorula mucilaginosa* (3,13%). A presença majoritária de *C. lusitaniae* sugere não apenas sua alta adaptação às condições físico-químicas do caldo de agave, mas também uma capacidade competitiva frente a outros microrganismos presentes no mesmo nicho.

4. CONCLUSÕES

Conforme previsto, verificou-se uma elevada diversidade microbiana nos caldos das diferentes espécies de agave, evidenciada pelo isolamento e identificação preliminar. Esses achados indicam que o agave constitui um nicho microbiológico naturalmente rico, desde o caldo cru até as fases subsequentes de fermentação. No momento, a identificação molecular da *A. tequilana* e *A.* H11648 está na fase de execução e, em seguida, será realizada a caracterização fenotípica quanto à produção de etanol das espécies de leveduras identificadas em todos os substratos.

5. BIBLIOGRAFIA

[1] TAVARES, V. C.; DE ARRUDA, Í. R. P.; DA SILVA, D. G. Desertificação, mudanças climáticas e secas no semiárido brasileiro: uma revisão bibliográfica. **Geosul**, v. 34, n. 70, p. 385–405, 2019.

[2] YAN, X.; CORBIN, K. R.; BURTON, R. A.; TAN, D. K. Y. Agave: A promising feedstock for biofuels in the water-energy-food-environment (WEFE) nexus. **Journal of Cleaner Production**, v. 261, p. 121283, 2020.

[3] GUEDES, J. M.; SANTOS, A. G. D.; SANTOS, H. S. Uso da biomassa como fonte energética para produção de biocombustíveis. **Ambiente: Gestão e Desenvolvimento**, [S. I.], v. 1, n. 1, 2021