

DIVERSIDADE FÚNGICA E SEU PAPEL NA PRODUÇÃO DE BIOGÁS

Luciane Lanser¹ e Marcos Baroncini Proença²

¹ Tecnóloga em Agricultura pelo Centro Universitário Internacional UNINTER ² Professor e Orientador UNINTER

Grupo de trabalho: G7 (Grupo de Engenharia, Tecnologia e Inovação)

RESUMO

A digestão anaeróbia (DA) representa uma tecnologia promissora para o aproveitamento de resíduos orgânicos, viabilizando a produção de biogás e a geração de energia renovável. Tradicionalmente centrada na ação de bactérias e arqueias metanogênicas, sua abordagem tem sido gradativamente ampliada, visando a inclusão do papel funcional dos fungos, especialmente de espécies lignocelulolíticas. Este trabalho teve como objetivo realizar uma revisão bibliográfica sobre espécies fúngicas envolvidas na digestão anaeróbia, discutindo suas características metabólicas, mecanismos de ação e potenciais aplicações biotecnológicas. A pesquisa foi realizada em bases científicas indexadas, como Scopus, Web of Science, PubMed, ScienceDirect e Google Scholar, utilizando palavras-chave como "anaerobic fungi", "fungal hydrolytic enzymes", "lignocellulosic biomass", "biogas production" e "biomass degradation". Foram selecionados artigos publicados nos últimos 15 anos, priorizando estudos que investigassem o papel ecológico, fisiológico e enzimático de fungos envolvidos na degradação da biomassa e na produção de biogás. Os dados obtidos indicam que fungos do filo Neocallimastigomycota, como Neocallimastix frontalis, Orpinomyces joyonii e Piromyces communis, possuem elevada capacidade de degradação de celulose e hemicelulose, contribuindo significativamente para o rendimento de biogás. Adicionalmente, espécies fúngicas aeróbias, como Aspergillus niger e Trichoderma reesei, juntamente com as leveduras facultativas Geotrichum candidum e Candida tropicalis, têm demonstrado resultados promissores quando aplicados em pré-tratamentos enzimáticos. Apesar do potencial identificado, a escassez de estudos em escala industrial ainda representa um obstáculo significativo. Neste sentido, a identificação e aplicação estratégica destes microrganismos podem representar um avanço importante na otimização de processos bioenergéticos sustentáveis, configurando uma oportunidade promissora para o desenvolvimento de inovações no segmento da bioenergia.

Palavras-chave: Digestão anaeróbia. Energia renovável. Microbiota fúngica.

INTRODUÇÃO

A digestão anaeróbia (DA) é um processo biológico amplamente empregado na conversão de resíduos orgânicos em biogás, sendo composta por uma série de etapas metabólicas complexas conduzidas por consórcios microbianos sinérgicos. Estes consórcios incluem bactérias hidrolíticas e acidogênicas, arqueias metanogênicas e, de forma menos explorada, fungos filamentosos e leveduriformes (KUNZ, STEINMETZ & AMARAL, 2019; SENÉS-GUERRERO et al., 2019). Embora sua participação ainda seja pouco compreendida, os fungos exercem papéis estratégicos na etapa inicial da digestão anaeróbia, especialmente na degradação de materiais lignocelulósicos, como resíduos agroindustriais, palhadas e bagaços vegetais (TAMILSELVAN & SELWYNRAJ, 2024).









XVENFOC₂₀₂₅

Os fungos anaeróbios obrigatórios, sobretudo do filo *Neocallimastigomycota*, são reconhecidos pela sua capacidade de colonizar e degradar tecidos vegetais fibrosos no rúmen de herbívoros, contribuindo para a hidrólise de celulose, hemicelulose e, em menor grau, lignina (LIGGENSTOFFER *et al.*, 2010). Esta função é viabilizada pela liberação de enzimas hidrolíticas, como celulases, xilanases e ligninases, que promovem a quebra das estruturas poliméricas da biomassa vegetal, tornando os compostos orgânicos mais acessíveis às bactérias fermentativas e, consequentemente, às arqueias metanogênicas (YOUSSEF *et al.*, 2013).

Apesar de seu potencial biotecnológico, o papel dos fungos na digestão anaeróbia ainda permanece subexplorado, tanto em termos ecológicos quanto em aplicações industriais. Estudos recentes apontam que a diversidade fúngica nestes ambientes é significativamente maior do que se supunha anteriormente, incluindo não apenas fungos anaeróbios obrigatórios, mas também espécies facultativas ou tolerantes à anoxia, que podem atuar em sinergia com bactérias e arqueias em diversas etapas do processo (YANG et al., 2022). A ausência de uma caracterização mais ampla e sistemática destas comunidades limita a compreensão de seu impacto sobre a estabilidade e eficiência da digestão, além de restringir o desenvolvimento de bioinóculos mais eficientes (YANG et al., 2022; SOLOMON et al. 2016; LANSER & PROENÇA, 2024).

Neste cenário, torna-se essencial o mapeamento das espécies fúngicas associadas à digestão anaeróbia, visando tanto a compreensão de sua ecologia quanto a identificação de potenciais agentes biotecnológicos para otimização de sistemas de produção de biogás. Este artigo apresenta um levantamento bibliográfico das principais espécies fúngicas envolvidas no processo de digestão anaeróbia, destacando seus potenciais enzimáticos, habitats predominantes e aplicações em sistemas de produção de biogás. Além disso, busca fornecer subsídios teóricos que contribuam com a identificação de fungos observados em análises experimentais em andamento.

METODOLOGIA

O presente estudo consistiu em uma revisão bibliográfica com foco na identificação e caracterização de espécies fúngicas associadas à produção de biogás, a partir de artigos publicados nos últimos 15 anos. A pesquisa foi conduzida em bases de dados indexadas, incluindo ScienceDirect, Scopus, Web of Science, PubMed e Google Scholar, utilizando palavras-chave como "anaerobic fungi", "fungal hydrolytic enzymes", "lignocellulosic biomass", "biogas production" e "biomass degradation".

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O levantamento bibliográfico permitiu identificar um conjunto de gêneros fúngicos com atuação relevante nos diferentes estágios da digestão anaeróbia, especialmente na etapa inicial de degradação da biomassa lignocelulósica. A Tabela 1 resume os principais representantes descritos na literatura, agrupando informações quanto ao metabolismo predominante, enzimas secretadas e potenciais aplicações em sistemas de produção de biogás.









XVIENFO C₂₀₂₅

Tabela 1. Perfil bioquímico e funcional de fungos atuantes na digestão anaeróbia.

Espécie Fúngica	Filo	Metabolismo	Enzimas Produzidas	Papel na Digestão Anaeróbia	Referência
Neocallimastix frontalis	Neocallimastigomycota	Anaeróbia estrita	Celulases, xilanases	Degradação de fibras vegetais; hidrólise de celulose e hemicelulose	LIGGENSTOFFER et al., 2010; SOLOMON et al., 2016
Orpinomyces joyonii	Neocallimastigomycota	Anaeróbia	Celulases, hemicelulases	Despolimerização de substratos lignocelulósicos complexos	YOUSSEF et al., 2013
Piromyces communis	Neocallimastigomycota	Anaeróbia	Celulases, xilanases, β-glucosidases	Atua na hidrólise inicial da biomassa; coopera com fermentadores acidogênicos	SOLOMON et al., 2016
Aspergillus niger	Ascomycota	Aeróbio	Ligninases, hemicelulases	Pré-tratamento biológico de biomassa lignificada antes da digestão anaeróbia	HSIN et al., 2024; MARTINEZ-GARCIA et al., 2009
Trichoderma reesei	Ascomycota	Aeróbio	Celulases, β-glucosidases	Melhora da digestibilidade da biomassa em etapas prévias ao processo anaeróbio	SOLOMON et al., 2016
Geotrichum candidum	Ascomycota	Facultativa	Celulases, lipases, proteases	Atua na degradação de compostos orgânicos e na estabilização da biomassa	TRINIDAD & BUITRÓN, 2024; MARTINEZ-GARCIA <i>et al.</i> , 2009; OHIMAIN & IZAH, 2017
Candida tropicalis	Ascomycota	Facultativa	Invertase, β-galactosidase, proteases e lipases	Conversão de açúcares solúveis em ácidos orgânicos	MARTINEZ-GARCIA et al., 2009; OHIMAIN & IZAH, 2017

Os fungos anaeróbios obrigatórios do filo Neocallimastigomycota, como Neocallimastix frontalis, Orpinomyces joyonii e Piromyces communis, destacaram-se como os principais agentes na resíduos condições degradação de fibrosos sob estritamente (LIGGENSTOFFER et al., 2010; YOUSSEF et al., 2013; SOLOMON et al. 2016). Estes fungos são endógenos ao trato digestivo de ruminantes, onde desempenham papel essencial na hidrólise da parede celular vegetal (LIGGENSTOFFER et al., 2010). Embora representem apenas cerca de 8% da microbiota intestinal, estudos indicam que podem degradar até 50% da biomassa não tratada (SOLOMON et al. 2016). Esta capacidade está relacionada à produção de um amplo espectro de enzimas hidrolíticas, como celulases e xilanases, frequentemente organizadas em complexos multienzimáticos (YOUSSEF et al., 2013).

Além dos fungos estritamente anaeróbios, também foram identificadas espécies aeróbias ou facultativas com potencial para contribuir com a digestão anaeróbia, principalmente por meio do pré-tratamento biológico da biomassa. *Aspergillus niger* e *Trichoderma reesei*, ambas pertencentes ao filo *Ascomycota*, são espécies fúngicas amplamente conhecidas por sua robustez enzimática, com capacidade de degradar frações mais resistentes da lignina e hemicelulose (SOLOMON *et al.* 2016; YOUSSEF *et al.*, 2013; HSIN *et al.*, 2024). Ainda que não sobrevivam em ambientes anaeróbios por longos períodos, sua aplicação em etapas anteriores à digestão pode melhorar significativamente a acessibilidade dos substratos à microbiota anaeróbia (SOLOMON *et al.* 2016; CREMONEZ *et al.*, 2013).

Adicionalmente, as leveduras facultativas Geotrichum candidum e Candida tropicalis, também pertencentes ao filo Ascomycota, têm sido reportadas em alguns sistemas anaeróbios de codigestão, principalmente sob condições de microaerofilia ou oxigênio residual (MARTINEZ-GARCIA et al., 2009; **OHIMAIN** IZAH, 2017). Enquanto & Geotrichum candidum é reconhecida por sua capacidade de degradar lipídios e compostos orgânicos complexos nas fases iniciais da digestão, a levedura Candida tropicalis atua convertendo açúcares simples em produtos fermentativos, facilitando a interação com bactérias acidogênicas e contribuindo para a manutenção da estabilidade do sistema, sobretudo em ambientes de alta carga orgânica (TRINIDAD & BUITRÓN, 2024; MARTINEZ-GARCIA et al., 2009; OHIMAIN & IZAH, 2017).









XVENFOC₂₀₂₅

CONCLUSÕES

O presente levantamento evidencia a diversidade e o potencial biotecnológico das espécies fúngicas envolvidas no processo de digestão anaeróbia. Espécies anaeróbias obrigatórias do filo Neocallimastigomycota, como Neocallimastix frontalis, Orpinomyces joyonii e Piromyces communis, destacam-se como agentes-chave na degradação de substratos lignocelulósicos, atuando diretamente na etapa de hidrólise. Por outro lado, espécies aeróbias e facultativas, como Aspergillus niger, Trichoderma reesei, Geotrichum candidum e Candida tropicalis, apresentam potencial relevante no pré-tratamento da biomassa e na sinergia com microrganismos anaeróbios. A inclusão estratégica destes microrganismos em sistemas de digestão anaeróbia pode otimizar a conversão da matéria orgânica, especialmente em resíduos de difícil degradação. Vale ressaltar que os representantes descritos constituem apenas uma pequena parcela do diversificado microbioma com potencial para atuação no processo, sendo que a escassez de estudos aplicados e a complexidade das interações microbianas ainda limitam a exploração plena destas espécies. O aprofundamento das investigações sobre seu papel funcional e suas interações ecológicas pode viabilizar o desenvolvimento de consórcios microbianos mais eficientes, contribuindo para avanços na produção sustentável de biogás e valorização de resíduos orgânicos.

REFERÊNCIAS

- CREMONEZ, Paulo André; FEIDEN, Armin; ZENATTI, Dilcemara Cristina; CAMARGO, Mariele Pasuch; NADALETI, Willian Cézar; ROSSI, Eduardo; ANTONELLI, Jhonathas. Biodigestão anaeróbia no tratamento de resíduos lignocelulósicos. Revista Brasileira de Energias Renováveis, Curitiba, v. 2, p. 21-35, 2013.
- HSIN, Kuan-Ting et al. *Lignocellulose degradation in bacteria and fungi for biomass conversion*. Cold Spring Harbor Laboratory, 2024. Disponível em: https://doi.org/10.1101/2024.11.06.622210.
- KUNZ, Airton; STEINMETZ, Ricardo; AMARAL, André. Fundamentos da Digestão Anaeróbia, Purificação do Biogás, Uso e Tratamento do Digestato. 2019. ISBN 978-85-93823-01-5.
- LANSER, Luciane; PROENÇA, Marcos Baroncini. Análise do potencial de geração de biogás através da digestão anaeróbica de resíduos alimentares domésticos. In: XVII ENFOC Encontro de Iniciação Científica e Fórum Científico. São Paulo: Even3, 2024. ISBN 978-65-272-0390-2.
- LIGGENSTOFFER, A. S. et al. Phylogenetic diversity and community structure of anaerobic gut fungi (Neocallimastigomycota) in ruminant and non-ruminant herbivores. ISME Journal, v. 4, n. 10, p. 1225–1235, 2010. DOI: https://doi.org/10.1038/ismej.2010.58.
- MARTINEZ-GARCIA, Gregorio; JOHNSON, Anbu Clemensis; BACHMANN, Robert T.; WILLIAMS, Ceri J.; BURGOYNE, Andrea; EDYVEAN, Robert G. J. Anaerobic treatment of olive mill wastewater and piggery effluents fermented with *Candida tropicalis*. *Journal of Hazardous Materials*, v. 164, n. 2–3, p. 1398–1405, 2009. DOI: 10.1016/j.jhazmat.2008.09.055.
- OHIMAIN, Elijah Ige; IZAH, Sylvester Chibueze. *A review of biogas production from palm oil mill effluents using different configurations of bioreactors*. Renewable and Sustainable Energy Reviews, v. 70, p. 242-253, 2017. ISSN 1364-0321.
- SENÉS-GUERRERO, C. et al. Microbial consortia in anaerobic digestion: from structure to function. Microbial Biotechnology, v. 12, n. 4, p. 789–803, 2019. DOI: https://doi.org/10.1111/1751-7915.13410.











- SOLOMON, K. V. et al. Early-branching gut fungi possess a large, comprehensive array of biomass-degrading enzymes. Science, v. 351, n. 6278, p. 1192–1195, 2016. DOI: https://doi.org/10.1126/science.aad1431.
- TAMILSELVAN, R.; SELWYNRAJ, A. Immanuel. *Enhancing biogas generation from lignocellulosic biomass through biological pretreatment: Exploring the role of ruminant microbes and anaerobic fungi*. Anaerobe, v. 85, p. 102815, 2024. ISSN 1075-9964. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2023.102815.
- TRINIDAD, Martín; BUITRÓN, Germán. Pretreatment of agave bagasse with ruminal fluid to improve methane recovery. *Waste Management*, v. 175, p. 52–61, 2024. DOI: https://doi.org/10.1016/j.wasman.2023.12.041. ISSN 0956-053X.
- YANG, Xingsheng et al. *Fungal dynamics and potential functions during anaerobic digestion of food waste*. Environmental Research, v. 212, pt. B, p. 113298, 2022. ISSN 0013-9351. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.envres.2022.113298.
- YOUSSEF, N. H. et al. The genome of the anaerobic fungus Orpinomyces sp. strain C1A reveals the unique evolutionary history of a remarkable plant biomass degrader. Applied and Environmental Microbiology, v. 79, n. 15, p. 4620–4634, 2013. DOI: https://doi.org/10.1128/AEM.00821-13.







