

Reconstrucción de redes metabólicas en procesos de digestión anaerobia de residuos agroindustriales para la comprensión de la producción de biogás usando una aproximación metagenómica.

Andrés Felipe Suárez Carvajalino¹, Víctor Hugo Rúa², María Isabel Gutierrez², David Jaramillo², Andrés Fernando González Barrios², María Francisca Villegas Torres^{2,3}.

¹Grupo de Diseño de Productos y Procesos (GDPP), Departamento de Ingeniería Química y Alimentos, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

²Grupo Natura, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad ICESI, Cali, Colombia.

³Centro de Investigaciones Microbiológicas (CIMIC), Departamento de ciencias biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

Autor presentador: Andrés Suárez, af.suarezc@uniandes.edu.co

La digestión anaerobia ha sido usada por el hombre desde las épocas de antiguos imperios, existen evidencias de su uso desde los tiempos del imperio persa, en la actualidad el proceso de digestión anaerobia y la producción de biogás, es una fuente de energía renovable de alto interés debido a la sostenibilidad del proceso y el poder energético del gas, sin embargo, el entendimiento de este bio-proceso aún es limitado, al punto que aún se considera una caja negra. Con el desarrollo de investigaciones se ha podido avanzar en la identificación de organismos y genes que son claves en el proceso de digestión anaerobia, sin embargo, el estado del arte actual sigue que la comprensión de manera sistémica sigue sin ser comprendida en su totalidad.

Por tal motivo la presente investigación propone una aproximación metagenómica, en donde en un proceso de digestión anaerobia con un inóculo proveniente de estiércol de res, el cual fue usado para la producción de biogás en tres reactores y usando tres sustratos orgánicos, como lo fueron, el estiércol de cerdos, residuos de alimentos y estiércol de gallinas, se tomaron muestreos de ADN en los tiempos 16, 42, 64 y 93 días, de cada uno de los reactores.

Para la secuenciación se usó la tecnología *Whole-genome-shotgun (WGS)* la cual fue realizada en Novogene(USA), luego a esta información metagenómica se le implemento un flujo de trabajo bioinformático, en el cual se desarrolló el ensamblaje usando el software SOAPdeNovo y la anotación funcional de los metagenomas ensamblados con la herramienta PRODIGAL, para finalmente realizar la reconstrucción modelos de redes metabólicas, usando la caja de herramientas RAVEN (Reconstruction, Analysis and Visualization of Metabolic Networks), posteriormente a los modelos ya reconstruidos, se les realizó procesos de curación automáticos, implementando algoritmos de Gapfilling y también manuales, mediante la búsqueda de nodos faltantes en las redes metabólicas de los modelos. A estos modelos ya curados, se les realizó una optimización mediante la implementación del análisis de balance de flujo (FBA).

Con la implementación del FBA, se logró establecer ciclos de carbono y nitrógeno activos en cada condición de sustrato y sus efectos el proceso en base a la relación C/N, estas rutas activas sirven como etapas previas a la metanogénesis, logrando establecer ciclos y reacciones claves dentro de los FBA, los cuales conllevan al sistema a producir biomasa y además la producción del metano. Por parte de la metanogénesis, se logró ver en la optimización que esta etapa de la digestión anaerobia sucede por ciertos nodos y que la

producción de gas se ve condicionada a los tiempos y condiciones de carbono en el proceso, dando como resultado unas mejores condiciones de proceso y producción *in-silico* de biogás con los residuos de alimento en comparación con los residuos de eses de cerdo y gallinas.