

Metagenômica e perfil bioativo de kombuchas artesanais brasileiras

André Ricardo Ferreira da Silva Rocha^{1*}, Paulo Pedroso Júnior¹, Bárbara Côgo Venturim¹, John Leech², Paul D. Cotter², José Guilherme Prado Martin¹

¹ Laboratório de Microbiologia de Produtos Fermentados (FERMICRO), Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Viçosa, Brasil

² Agricultural and Food Development Authority (TEAGASC), Moorepark Research Centre, Fermoy, Ireland

* Autor correspondente. E-mail: (prencher)

O mercado de bebidas fermentadas não alcoólicas tem apresentado crescimento expressivo no Brasil, especialmente a kombucha. A bebida é produzida a partir do chá (*Camellia sinensis*) fermentado por uma comunidade microbiana composta por bactérias acéticas (AAB), bactérias ácido-láticas (LAB) e leveduras, conhecida como SCOBY. Este estudo teve como objetivo revelar o perfil microbiano de SCOBYs utilizados por seis marcas brasileiras de kombucha e determinar como a microbiota influencia as potenciais atividades biológicas das bebidas. As amostras foram analisadas por meio de sequenciamento metagenômico do tipo Shotgun. Foram determinadas a atividade antioxidante (DPPH e ABTS), a atividade antimicrobiana contra *Staphylococcus aureus*, *Listeria monocytogenes*, *Escherichia coli* e *Salmonella enterica*, bem como a produção de compostos bioativos – conteúdo de fenólicos totais (TPC) e flavonoides totais (TFC). Para isso, amostras de kombucha foram preparadas com 0,8% m/v de chá verde e 8% m/v de sacarose adicionados à água estéril (80 °C) por 10 min; após o resfriamento, foram adicionados 10% v/v de cultura iniciadora e uma porção de SCOBY, seguidos de fermentação por 7 dias (25 °C). As bactérias (69,14%) predominaram na comunidade microbiana da kombucha. As famílias mais abundantes foram Acetobacteraceae entre as bactérias e Saccharomycetaceae e Trichomonascaceae entre as leveduras. *Komagataeibacter* e *Acetobacter* foram os gêneros mais abundantes; destacaram-se *Acetobacter musti*, *Komagataeibacter rhaeticus*, *K. saccharivorans* e *K. intermedius*. *Brettanomyces bruxellensis* foi a levedura mais abundante. Diferentes espécies de *Komagataeibacter* spp., *Gluconacetobacter* sp., *Starmerella* spp., bem como *Novacetimonas hansenii*, *Geotrichum candidum*, *Sugiyamaella lignohabitans* e *Wickerhamomyces* sp. constituíram a microbiota core nas kombuchas brasileiras avaliadas. A maior diversidade microbiana foi observada na amostra K16. Uma maior dominância foi observada para K28. Uma elevada equitabilidade de espécies foi observada para as amostras K2 e K16. Todas as amostras apresentaram atividade antioxidante, com níveis de TPC e TFC superiores aos do chá não fermentado (controle). Atividade antimicrobiana foi observada para todas as amostras, exceto K2. As espécies *Acinetobacter guillouiae* e *Gluconacetobacter sacchari* ocorreram apenas em K2, que apresentou o maior potencial antioxidante (DPPH: 316,80 mg/mL $\pm$ 0,2; ABTS: 711,24 mg/mL $\pm$ 1,9) e conteúdo de TPC (76,81 mg/mL $\pm$ 6,4), porém sem atividade antimicrobiana significativa. *Acetobacter* spp. foram observadas apenas nas amostras K10 e K13, ambas apresentando atividade contra *S. aureus* e/ou *S. enterica*. A microbiota exclusiva de K16 foi composta por leveduras, influenciando positivamente principalmente o conteúdo de TFC (86,86 mg/mL $\pm$ 0,8). De modo geral, a comunidade de leveduras foi mais diversa do que a comunidade bacteriana, apesar de ser menos abundante no chá fermentado. O aumento da diversidade microbiana na kombucha apresentou efeito positivo sobre suas atividades biológicas e sobre os compostos bioativos. Assim, *Acetobacter* spp. estiveram principalmente associados ao potencial antimicrobiano, enquanto a atividade antioxidante esteve relacionada a *Acinetobacter* sp. e *Gluconacetobacter* sp. Esses resultados podem trazer novos insights sobre a biossíntese de compostos de interesse, contribuindo para o desenvolvimento de kombuchas inovadoras.

Palavras-chave: Dinâmica microbiana; Retroalimentação; Fermentação; Diversidade bacteriana.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES e CNPq.