

Enriquecimento proteico do coproduto do desfibramento do sisal utilizando leveduras e fungos filamentosos

Protein enrichment of the coproduct of sisal defibration using yeast and filamentous fungi

Enriquecimiento proteico del coproducto de la desfibración del sisal utilizando levaduras y hongos filamentosos

Recebido: 04/07/2025 | Revisado: 11/07/2025 | Aceitado: 11/07/2025 | Publicado: 13/07/2025

Leticia dos Santos Souza

ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-4219-1215>

Universidade do Estado da Bahia, Brasil

E-mail: dossantossouzaleticia6@gmail.com

Ariel Gustavo Letti

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4848-4019>

Universidade do Estado da Bahia, Brasil

E-mail: aletti@uneb.br

Raquel Guimarães Benevides

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9152-5512>

Universidade Estadual de Feira de Santana, Brasil

E-mail: raquelgb@gmail.com

Luiz Gustavo Neves Brandão

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8642-5725>

Universidade do Estado da Bahia, Brasil

E-mail: lneves@uneb.br

Resumo

O sisal (*Agave sisalana* Perrine) é uma planta da família Asparagaceae, que se tornou uma importante fonte de renda para diversas famílias no estado da Bahia. A finalidade do seu cultivo é a confecção de produtos artesanais, que impulsionam a economia local. Contudo, o seu beneficiamento gera resíduos que, muitas vezes, não possuem aplicação, mas podem ser utilizados na alimentação animal. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o aumento proteico do coproduto do sisal após fermentação semissólida, durante os períodos de 8, 24, 32 e 48 horas, utilizando os fungos *Lentinus tigrinus*, *Trametes villosa* e a levedura *Saccharomyces cerevisiae*. Foi observada uma variação significativa no teor de proteína bruta (PB) para cada microrganismo utilizado ($p < 0,05$), a partir das primeiras horas do experimento. O maior aumento proteico foi observado após 48 horas de fermentação, para todos os experimentos. O substrato contendo *L. tigrinus* resultou em um aumento de 34,4%, seguido de *T. villosa* com 33,3% e da levedura com 30,2% em comparação com o resíduo *in natura*. Os resultados foram submetidos a análise de regressão e variância (ANOVA) e os coeficientes de determinação (R^2) para os respectivos microrganismos em função do tempo foram de 0,8404, 0,9956 e 0,967 revelando uma boa adequação do modelo aos resultados obtidos. Também foi possível observar redução nos teores de lignina, hemicelulose, FDN e FDA após 48 horas, sendo este considerado o melhor tempo para avaliação dos parâmetros observados.

Palavras-chave: *Agave sisalana*; Fungos filamentosos; Enriquecimento proteico; Resíduo agroindustrial.

Abstract

Sisal (*Agave sisalana* Perrine) is a plant from the Asparagaceae family that has become a valuable source of income for numerous families in the state of Bahia. Its cultivation is mainly intended for the creation of artisanal products, which stimulate the local economy. However, its processing generates waste materials that often lack a defined use but can be repurposed as animal feed. In this context, the present study aimed to evaluate the increase in protein content of the sisal coproduct following semi-solid fermentation over periods of 8, 24, 32, and 48 hours, using the fungi *Lentinus tigrinus*, *Trametes villosa*, and the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. A significant variation in crude protein (CP) levels was identified for each microorganism applied ($p < 0.05$), starting in the initial hours of the experiment. The most substantial increase in protein content occurred at 48 hours of fermentation in all treatments. The substrate inoculated with *L. tigrinus* showed a 34.4% increase, followed by *T. villosa* with 33.3%, and *S. cerevisiae* with 30.2%, when compared to the untreated residue. The results underwent regression and analysis of variance (ANOVA), and the coefficients of determination (R^2) for the respective microorganisms over time were 0.8404, 0.9956, and 0.967, indicating a strong fit between the model and the observed data. Additionally, reductions

in lignin, hemicellulose, neutral detergent fiber (NDF), and acid detergent fiber (ADF) contents were noted after 48 hours, confirming this as the most suitable time point for assessing the parameters analyzed.

Keywords: *Agave sisalana*; Filamentous Fungi; Protein enrichment; Agro-industrial residue.

Resumen

El sisal (*Agave sisalana* Perrine) es una planta de la familia Asparagaceae, que se ha convertido en una importante fuente de ingresos para muchas familias del estado de Bahía. Su cultivo se utiliza para elaborar productos artesanales que impulsan la economía local. Sin embargo, su procesamiento genera residuos que, a menudo, no tienen aplicación, pero que pueden utilizarse en la alimentación animal. Por lo tanto, este estudio tuvo como objetivo evaluar el aumento proteico del coproducto de sisal tras la fermentación semisólida, durante periodos de 8, 24, 32 y 48 horas, utilizando los hongos *Lentinus tigrinus*, *Trametes villosa* y la levadura *Saccharomyces cerevisiae*. Se observó una variación significativa en el contenido de proteína cruda (PC) para cada microorganismo utilizado ($p < 0,05$), desde las primeras horas del experimento. El mayor aumento proteico se observó después de 48 horas de fermentación, en todos los experimentos. El sustrato con *L. tigrinus* presentó un aumento del 34,4 %, seguido de *T. villosa* con un 33,3 % y levadura con un 30,2 % en comparación con el residuo in natura. Los resultados se sometieron a un análisis de regresión y varianza (ANOVA), y los coeficientes de determinación (R^2) para los respectivos microorganismos en función del tiempo fueron de 0,8404, 0,9956 y 0,967, lo que reveló un buen ajuste del modelo a los resultados obtenidos. También se observó una reducción en los niveles de lignina, hemicelulosa, FDN y FDA después de 48 horas, considerado el mejor momento para evaluar los parámetros observados.

Palabras clave: *Agave sisalana*; Hongos Filamentosos; Enriquecimiento proteico; Residuos agroindustriales.

1. Introdução

O sisal (*Agave sisalana* Perrine) é importante fonte de renda para inúmeras famílias da chamada região sisaleira na Bahia (Santos, Coelho Neto & Silva, 2015). Em 2023, o Brasil produziu mais de 90 mil toneladas de fibra de sisal (IBGE, 2023), garantindo ao país o título de maior produtor de sisal do mundo (Santos & Silva, 2017; Marone *et al.*, 2020).

O principal objetivo no cultivo dessa planta é a retirada das fibras para a produção artesanal, que inclui a fabricação de bolsas, tapetes, chapéus e outros (Cardoso, 2019). Além disso, é comum a utilização dessas fibras em construções civis, devido a sua durabilidade e resistência (Bonato *et al.*, 2014; Dias *et al.*, 2021; Santos, Fontes & Lima, 2017). De acordo com (Cardoso (2019), para a retirada dessas fibras, apenas 4% das folhas são aproveitadas, resultando em uma grande quantidade de resíduos gerados durante o processamento.

Estes subprodutos são utilizados em menor escala para a alimentação de ruminantes (Brandão *et al.*, 2011). Contudo, devem ser oferecidos com cautela pelos produtores, pois podem causar distúrbios intestinais (Santos *et al.*, 2013) devido à baixa digestibilidade, altos teores de celulose e baixos teores de nutrientes, principalmente nitrogenados (Mahesh & Mohini, 2013). Na tentativa de melhorar a dieta desses animais, muitos produtores recorrem a concentrados proteicos comerciais, que apresentam alto custo, e tornam a atividade ainda mais dispendiosa (Araújo *et al.*, 2008).

A utilização de mecanismos mais econômicos é necessária para mitigar os problemas anteriormente mencionados. Estudos como os de Brandão (2022), Sousa (2016) e Canedo (2015) utilizam diferentes resíduos agroindustriais como substrato para o crescimento de microrganismos, principalmente fungos e leveduras, através de fermentação semissólida, com o objetivo de produzir proteínas, enzimas e/ou degradar as frações fibrosas presente no meio, gerando assim um bioproduto de alto valor agregado que pode ser incorporado a alimentação dos animais.

A fermentação semissólida (FSS) é uma tecnologia muito utilizada e viável no processamento de resíduos agroindustriais, na qual utiliza-se microrganismos para obtenção de um produto final com alto valor agregado (Benevides, Brandão & Santos, 2024). De acordo com (Dinili & Jacob, 2022) esta metodologia é amplamente empregada, pois simula o ambiente natural dos fungos e leveduras, possibilitando o crescimento de suas hifas entre os espaços formados pelo substrato sólido. Além disso, é possível gerar menos água residual, garantindo uma melhor qualidade do produto fermentado (Vinięgra-Gonzales, 1997).

Muitos trabalhos como os de Sousa *et al.* (2021), Sousa *et al.* (2020) e Silva *et al.* (2016) tem utilizado a FSS na produção de ração, tendo como substrato cascas, sementes, resíduos da fabricação de polpas de frutas, partes não comestíveis das frutas e também cactáceas como a palma forrageira (Araújo *et al.*, 2008), garantindo assim, a produção de ração animal barata e nutricionalmente segura, na qual, há enriquecimento de nutrientes e redução de fatores antinutricionais presentes nos substratos lignocelulósicos (Yafetto, Odamtten & Kwagyan, 2023).

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial dos fungos filamentosos *Lentinus tigrinus* e *Trametes villosa*, e da levedura *Saccharomyces cerevisiae* no enriquecimento proteico do coproduto do desfibramento do sisal, através de fermentação semissólida em diferentes tempos.

2. Metodologia

Realizou-se uma pesquisa experimental, laboratorial e de natureza quantitativa (Pereira *et al.*, 2018; Gil, 2017) com o emprego de estatística descritiva simples com classes de dados, valores de média e desvio padrão, valores de média e desvio padrão como é o caso da temperatura (ex: $27^{\circ} \pm 2$) frequência absoluta e, de frequência relativa porcentual (Shitsuka *et al.*, 2014; Akamine & Yamamoto, 2009) e, análise estatística (Vieira, 2021; Bekman & Costa Neto, 2009).

Os experimentos foram realizados no Laboratório de Microbiologia da Universidade do Estado da Bahia – DEDC *campus* VII em Senhor do Bonfim. O substrato utilizado para o enriquecimento proteico foi o coproduto do desfibramento do sisal (CDS). Este, foi coletado na região sisaleira da Bahia, mais precisamente em duas fazendas nos municípios de Retirolândia e Valente - BA. Após a coleta, o substrato foi triturado e colocado ao sol para redução da umidade e em seguida, armazenado sobre refrigeração em recipientes plásticos até a preparação dos fungos para dar continuidade a FSS.

Para realizar a fermentação, foram utilizados três microrganismos diferentes, a levedura comercial *Saccharomyces cerevisiae* prensada da marca Adinopan, e os fungos *Trametes villosa* e *Lentinus tigrinus*, ambos cedidos pela Coleção de Culturas de Microrganismos da Bahia - CCMB, da Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS) em Feira de Santana - BA. As cepas foram repicadas semanalmente em meios de cultura sólido, especificamente Ágar Batata Dextrose (BDA) e Ágar Sabouraud Dextrose, sem adição de nenhum composto nitrogenado aos experimentos, e mantidos a temperatura de $27^{\circ} (\pm 2)$ em incubadora BOD (Biochemical Oxygen Demand), para produção de grande quantidade de micélio.

As fermentações aconteceram em sistema de batelada simples e em duplicata, com os microrganismos de forma individual em quatro tempos diferentes: 8, 24, 32 e 48 horas utilizando frascos Erlenmeyer vedados com tampão. Para cada 100 gramas de substrato foram adicionados 3 gramas (3%) de microrganismo, em base úmida. Após a inoculação do material, estes foram devidamente identificados com nome e horário correspondentes e dispostos em estufa com circulação de ar forçado, na temperatura de $35 \pm 2^{\circ}\text{C}$ (Figura 1).

Ao final de cada período, as amostras eram retiradas e armazenadas em recipientes plásticos hermeticamente fechados e mantidos sob refrigeração até início da análise químico - bromatológica. Amostras *in natura* também foram analisadas para comparação com o material fermentado.

As determinações de matéria seca (MS), proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), celulose (CEL) e lignina (LIG) foram realizadas segundo Silva e Queiroz (2002). Os teores de Hemicelulose (HEM) devem ser obtidos por diferença (FDN – FDA) como determina Silva e Queiroz (2002).

Os dados foram submetidos à análise de variância e análise de regressão utilizando o software de planilhas eletrônicas Microsoft Excel. Por fim, as determinações do aumento proteico (AP) das amostras foram definidas com a diferença dos valores após a fermentação (%) e *in natura* (%) divididas pelo valor *in natura* (%) conforme equação abaixo.

$$AP(\%) = \frac{(\%)Proteína Bruta_{(Enriquecido)} - (\%)Proteína Bruta_{(in natura)}}{(\%)Proteína Bruta_{(in natura)}} \times 100$$

Figura 1 - Experimentos organizados em estufa de circulação de ar.



Fonte: Dados da pesquisa (2025).

3. Resultados e Discussão

O resultado da análise bromatológica do coproduto do sisal antes da inoculação está descrito na Tabela 1, para servir de referência na comparação com os dados obtidos após a FSS com a levedura e os fungos filamentosos. Os valores encontrados neste estudo são semelhantes aos valores obtidos por Aragão *et al.* (2009) e Benevides, Brandão e Santos (2024) na análise do coproduto do sisal *in natura*.

Tabela 1 - Composição químico-bromatológica do substrato *in natura* em % de matéria seca (MS).

Composição químico-bromatológica do Coproduto do sisal <i>in natura</i>	(%)
Matéria seca (MS)	14,0
Fibra em detergente neutro (FDN)	31,2
Fibra em detergente ácido (FDA)	22,4
Hemicelulose (HEM)	8,8
Lignina (LIG)	9,4
Proteína bruta (PB)	9,6

Fonte: Dados da pesquisa (2025).

Na Tabela 2, estão apresentados os valores de matéria seca (MS), proteína bruta (PB) e aumento proteico (AP) após o processo de fermentação semissólida. A análise revelou que a porcentagem de matéria seca foi significativamente influenciada pelo tipo de microrganismo e pelo tempo de fermentação ($p < 0,05$). No entanto, esse aumento foi pequeno, não ultrapassando 1%, permanecendo próximo ao valor inicial em todos os experimentos.

Tabela 2 - Valores percentuais de matéria seca (MS), proteína bruta (PB) e aumento proteico (PB) ao longo do tempo para os três microrganismos.

	<i>L. tigrinus</i>				<i>T. villosa</i>				<i>S. cerevisiae</i>			
Parâmetro	Tempo (horas)											
	8	24	32	48	8	24	32	48	8	24	32	48
MS	14,1	14,2	14,5	14,6	14,2	14,4	14,4	14,8	14,3	14,6	14,6	14,8
PB	12,1	12,6	12,6	12,9	10,6	11,9	12,6	12,8	11,0	11,9	12,1	12,5
AP	26,0	31,3	31,3	34,4	10,4	24,0	31,3	33,3	14,6	24,0	26,0	30,2

Fonte: Dados da pesquisa (2025).

Essa leve ascensão pode estar relacionada à atividade dos microrganismos sobre o substrato, levando à produção de proteínas e outros componentes sólidos, o que resulta na elevação da matéria seca total. Um aumento semelhante na MS também foi observado em estudo realizado por Ferro *et al.* (2025), reforçando a consistência desses resultados com a literatura existente.

Tabela 3 - Análise de variância referente ao aumento de MS% durante o experimento.

Fontes de variação	QS	GL	MS	F	Valor P
Microrganismos	0,876	4	0,219	21,9	0,000228773*
Tempo	0,1	2	0,05	5	0,039018442*
Erro	0,08	8	0,01		
Total	1,056	14			

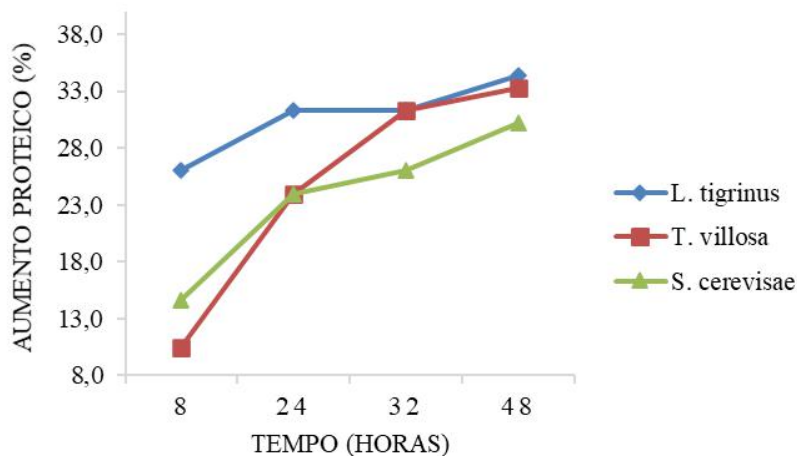
*Significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste ANOVA. Fonte: Dados da pesquisa (2025).

Foi observado um aumento significativo no teor de proteína bruta que difere para os três microrganismos estudados ($p < 0,05$). O substrato contendo *L. tigrinus* apresentou maior percentual de proteína bruta, atingindo 12,9% após 48 horas de fermentação, o que corresponde a um aumento proteico de 34,4%. Esses resultados corroboram com os de Benevides, Brandão e Santos (2024) ao avaliarem o processo de enriquecimento proteico de diferentes resíduos agroindustriais utilizando *L. tigrinus*.

Nos estudos de Silva *et al.* (2017) e Lima (2017), que investigaram o enriquecimento proteico de resíduos de umbu-cajá e de caju, respectivamente, os autores observaram que o período de 48 horas também proporcionou o maior aumento na proteína bruta (PB), conforme observado no presente trabalho.

O segundo maior aumento no teor de proteína bruta (PB) foi observado nos experimentos com *T. villosa*, que atingiu 12,8%, representando um AP de 33,3% após 48 horas de fermentação. Logo em seguida a levedura *S. cerevisiae*, com 12,5% de PB, o que corresponde a um aumento de 30,2% no mesmo período. O Gráfico 1 abaixo apresenta o percentual de aumento proteico em função do tempo para cada microrganismo. É possível observar um comportamento diferente de *L. tigrinus* em relação aos demais, visto que este proporciona um aumento rápido nas primeiras horas, em seguida há um período de estabilidade, com o teor de PB voltando a crescer após 32 horas.

Gráfico 1 - Relação do percentual de aumento proteico do CDS em função do tempo para cada microrganismo estudado.



Fonte: Dados da pesquisa (2025).

Para os fungos filamentosos, é possível identificar um aumento proteico acima de 30% a partir das 32 horas após o início do processo, e acima de 20% utilizando *S. cerevisiae* no mesmo período. Os dados obtidos corroboram com os de Araújo (2004) e Silva *et al.* (2016), que também verificaram o tempo de 48 horas como sendo o melhor para alcançar o maior aumento de proteína bruta na fermentação semissólida da palma forrageira e do resíduo de abacaxi, respectivamente, por *Saccharomyces cerevisiae*.

Ferro *et al.* (2025) estudaram o enriquecimento proteico do resíduo agroindustrial de maracujá com leveduras e observaram um aumento no teor de proteína bruta (PB) na matéria seca, que passou de 7,3% para 11,1% após 51 horas de fermentação, utilizando 4% de *Saccharomyces cerevisiae*. Em um estudo realizado por Sousa *et al.* (2021) com o mesmo microrganismo, foi possível observar que a fermentação resultou em um aumento no teor de proteína bruta (PB), alcançando aproximadamente 10% nas primeiras 3 horas de processo, partindo de um valor inicial de 6,95%. Além disso, os autores observaram que o teor de PB permaneceu estável até o final do processo, não contabilizando aumento nos momentos subsequentes.

Canedo *et al.* (2016), verificaram um aumento proteico (AP) de 50% na FSS de resíduos de cervejaria ao utilizar o fungo *Rhizopus oligosporus*, sem acréscimo de qualquer fonte nitrogenada, da mesma forma que nos presentes experimentos. Nesse caso, os autores estabelecem que a qualidade do resíduo foi primordial para obter os resultados, bem como o controle de outros parâmetros como umidade e pH.

Macedo (2016), estudando o enriquecimento proteico do sisal em associação com a palma forrageira utilizando *Saccharomyces cerevisiae* observaram que o tempo de 48 horas de fermentação proporcionou o maior aumento proteico (AP) nos experimentos.

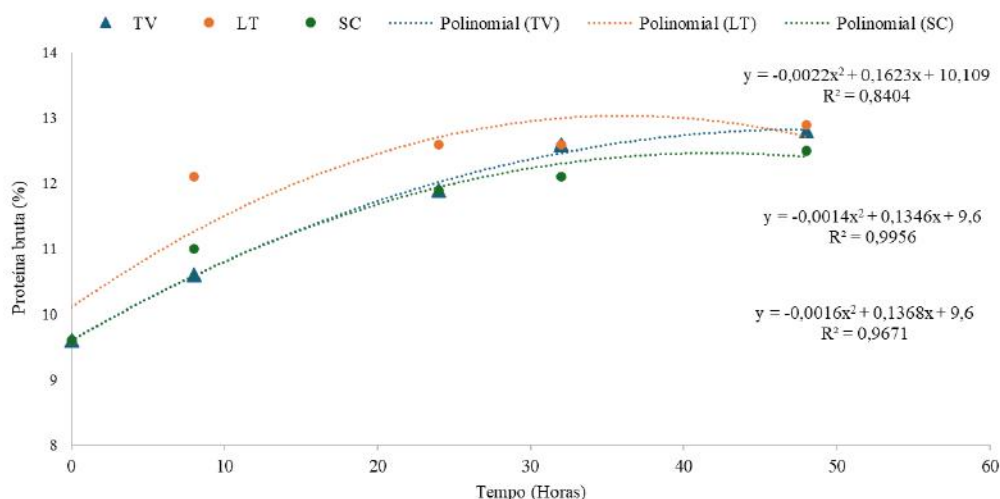
Campos *et al.* (2005) e Araújo *et al.* (2008), avaliaram a influência da concentração de levedura no enriquecimento proteico do pedúnculo do caju e da palma forrageira, respectivamente. Ambos identificaram que, à medida que a concentração do inóculo aumenta, ocorre um maior incremento na quantidade de proteína, demonstrando que essa variável exerce uma influência significativa no processo. Essa correlação pode estar associada ao alto teor de proteína presente na própria levedura (Campos *et al.*, 2005).

Alguns concentrados comerciais apresentam valores percentuais de PB próximos aos encontrados nesse trabalho, por exemplo a aveia esmagada (14,7%), e o farelo grosso de trigo (15,0%) (Araújo, *et al.* 2003). Dessa forma, entende-se que o

enriquecimento proteico pode ser uma alternativa viável para incrementar a dieta dos animais, com potencial para reduzir custos.

O coeficiente de regressão (R^2) obtido, bem como as respectivas funções quadráticas para o aumento proteico em função do tempo foi de 0,8404 para *L. tigrinus*, 0,9956 para *T. villosa* e 0,967 para *S. cerevisiae*, conforme descrito no Gráfico 2.

Gráfico 2 - Coeficiente de regressão (R^2) e funções quadráticas para os diferentes microrganismos estudados.



Fonte: Dados da pesquisa (2025).

De acordo com Chein (2019) os valores de R^2 devem estar entre 0,1 e 1, sendo que, quanto mais próximo da unidade, maior será o ajuste ao modelo. Isso significa que todos os modelos expressam uma boa relação entre as variáveis estudadas. Percebe-se que, apesar de *L. tigrinus* promover o maior aumento proteico do substrato, esse apresenta um comportamento diferente dos demais, que pode estar relacionado a influência de outras variáveis não estudadas neste trabalho, como pH, atividade de água e sólidos solúveis totais (Conceição, 2010), conforme estudado por Macedo (2016) no enriquecimento proteico do sisal e da palma forrageira por fermentação semissólida.

Tabela 4 - Resultados da análise de variância ANOVA referente ao teor de PB durante o experimento.

Fontes de variação	QS	GL	MS	F	Valor P
Microrganismos	19,18266667	4	4,795666667	40,93029872	0,000022675*
Tempo	0,849333333	2	0,424666667	3,624466572	0,075753396**
Erro	0,937333333	8	0,117166667		
Total	20,96933333	14			

*Significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste ANOVA. **Não significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste ANOVA. Fonte: Dados da pesquisa (2025).

Com relação as frações fibrosas do substrato, foi possível observar uma redução após os diferentes tempos de fermentação, principalmente utilizando *L. Tigrinus* e *T. villosa*, conforme apresentado na Tabela 5, o que corrobora com os estudos de Joshi e Sandhu (1996) e Alexandre *et al.* (2013), que relacionaram essa redução, também observada em seus

experimentos, com a produção enzimática dos fungos utilizados que catalisam a quebra dessas macromoléculas formadores da parede celular dos vegetais.

Tabela 5 - Valores percentuais de FDN, FDA, Hemicelulose (HEM) e Lignina (LIG) após fermentação semissólida por tempo e microrganismo do CDS.

Parâmetro	<i>L. tigrinus</i>				<i>T. villosa</i>				<i>S. cerevisiae</i>			
					Tempo (horas)							
	8	24	32	48	8	24	32	48	8	24	32	48
FDN	30,3	28,2	28,2	27,5	30,1	28,5	28,3	28,0	30,2	29,7	29,1	28,4
FDA	22,0	21,7	21,1	20,2	22,1	21,1	21,0	20,8	22,3	21,4	21,2	20,6
HEM	8,3	6,5	7,1	7,3	8,0	7,4	7,3	7,2	7,9	8,3	7,9	7,8
LIG	9,3	9,2	9,1	9,0	9,2	9,2	9,1	9,0	9,4	9,2	9,1	9,0

Fonte: Dados da pesquisa (2025).

O complexo enzimático que atua na degradação de materiais lignocelulósicos são produzidos por fungos e contêm pectinases, celulasas, xilanases e outras, que atuam hidrolisando o substrato constituído de hemicelulose e celulose para liberação de açúcares que serão utilizados como fonte energética para a fermentação (Varjão, 2011).

Após 48 horas de FSS, os substratos contendo os fungos *L. tigrinus*, *T. villosa* e a levedura *S. cerevisiae* reduziram o percentual de hemicelulose de 8,8% *in natura* para 7,3%, 7,2% e 7,8% respectivamente. Resultados semelhantes foram encontrados nos estudos realizados por Benevides, Brandão e Silva (2024) ao avaliar a degradação das frações fibrosas de alguns resíduos agroindustriais utilizando *L. tigrinus* em um período de 24 horas, demonstrando a necessidade de usar tempos maiores e menores, como no presente trabalho, visando um melhor delineamento da curva de fermentação.

Uma redução menos expressiva foi observada no percentual de lignina, chegando a 9% após 48 horas para todos os microrganismos estudados neste trabalho.

Os valores de FDN também sofreram variação, sendo que os menores percentuais foram obtidos no substrato contendo *L. tigrinus* (27,5%), seguidos de *T. villosa* (28%) e *S. cerevisiae* (28,4%) após 48 horas de fermentação. Para FDA, o tempo de maior redução foi o mesmo observado para FDN, alcançando os percentuais de 20,2%, 20,8% e 20,6% para os respectivos fungos. Essa diminuição observada para FDN e FDA pode ser atribuída à redução dos teores de lignina e hemicelulose do substrato (Araújo; Aguiar; Coelho, 2019).

Yamanaka *et al.* (2008) avaliou a potencialidade de uma cepa de *T. villosa* na produção de enzimas lignocelulósicas, e concluiu que em condições específicas de pH, este microrganismo tem a capacidade de sintetizar principalmente lacase, responsável pela degradação da lignina, e muito usada em grande escala pelas indústrias. Em outro trabalho, desenvolvido por Coniglio *et al.* (2020) investigando a hidrólise da palha da cevada por *T. villosa*, verificaram que este sintetizou diferentes enzimas, principalmente a celulase, que contribuiu para a degradação da biomassa celulósica do substrato em aproximadamente 30%.

A utilização de uma ração balanceada é fundamental para o melhor desempenho do rebanho. A deficiência proteica pode ser fator limitante para um aumento de peso e desenvolvimento, da mesma forma que elevados níveis de material fibroso e antinutricional como a lignina dificultam a digestibilidade pelo animal (Medeiros & Marino, 2015). Dessa forma, novas alternativas para a suplementação proteica como as observadas nesse trabalho são importantes para a viabilizar a utilização de proteína mesmo em grandes períodos de estiagem.

4. Conclusão

O melhor tempo de fermentação observado foi de 48 horas para os três microrganismos. Estes apresentam potencial para enriquecimento proteico do substrato estudado. Sugere-se, estudos com os mesmos microrganismos, controlando parâmetros como pH e atividade de água durante o processo, objetivando ainda melhores resultados.

Agradecimentos

Agradecemos à Unex Feira de Santana, pela utilização do laboratório de Nutrição Animal, Universidade do Estado da Bahia (UNEB) pelo uso do laboratório de microbiologia (LBM) e por fim a Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS) por ceder os microrganismos utilizados na pesquisa.

Referências

- Akamine, C. T.; & Yamamoto, R. K. (2009). *Estudo dirigido: estatística descritiva*. (3ed). Editora Érica.
- Alexandre, H. V., Da Silva, F. L., Gomes, J. P., Silva, O. S. D., Carvalho, J. P., & Lima, E. E. D. (2013). Cinética de secagem do resíduo de abacaxi enriquecido. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 17(6), 640-646.
- Aragão, A. S. L., Brandão, L. G. N., Pereira, L. G. R., Santos, R. D., Araujo, G. G. L., Voltolini, T. V., & Brandao, W. N. (2009). Composição bromatológica do coproduto do desfibramento do sisal submetido a amonização. In: *Reunião Anual Da Sociedade Brasileira De Zootecnia*, 46. Maringá - PR: UEM.
- Araújo, L. F., Silva, F. L. H., Brito, E. A., Oliveira Junior, S., & Santos, E. S. (2008). Enriquecimento proteico da palma forrageira com *Saccharomyces cerevisiae* para alimentação de ruminantes. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 60(2), 401-407.
- Araújo, L. F.; Aguiar, E. M.; & Coelho, R. R. P. (2019). Enriquecimento nutricional do bagaço do caju para produção de ração peletizada. *Revista de Agroecologia no Semiárido*, 3(2), 11- 19.
- Araújo, L. F. (2004). *Enriquecimento Protéico do Mandacaru sem Espinhos (Cereus jamaracu P.DC) e Palma Forrageira (Opuntia ficus-indica, Mill) por fermentação semissólida*. p.197. [Dissertação de Mestrado]. Universidade Federal de Campina Grande.
- Araújo, L. F., Medeiros, A. N., Perazzo Neto, A., Conrado, L. S., & Silva, F. L. H. (2003). Estudo do enriquecimento protéico do mandacaru sem espinhos (*Cereus jamacaru* P.DC) utilizando leveduras por fermentação semi-sólida. In: *Simpósio Nacional de Fermentações*, Florianópolis.
- Bekman, O. R.; & Costa Neto, P. L. O. (2009). *Análise estatística da decisão*. (2ed). Editora Edgar Blucher.
- Benevides, R. G.; Brandão, L. G. N.; & Santos, M. B. (2024). Protein enrichment of agroindustrial waste by semi-solid fermentation from *Lentinus tigrinus*. *Research, Society and Development*, 13(6), 1-9.
- Bonato, M. M., Bragança, M. D'O. G. P., Portella, K. F., Vieira, M. E., Bronholo, J. L., Santos, J. C. M., & Cerqueira, D. P. (2014). Argamassas fotocatalíticas e concretos com adição de fibras de coco e sisal para a redução de impactos ambientais de gases poluentes. *Cerâmica*, 60, 537-545.
- Brandão, L. G. N. (2022). *Fermentação semissólida pelos fungos Lentinus tigrinus e Trametes villosa no processamento de resíduos agroindustriais para alimentação animal*. [Tese de Doutorado]. Universidade Estadual de Feira de Santana.
- Brandão, L. G. N., Pereira, L. G. R., Azevêdo, J. A. G., Santos, R. D., Aragão, A. S. L., Voltolini, T. V., Neves, A. L. A., Araújo, G. G. L., & Brandão, W. N. (2011). Valor nutricional de componentes da planta e dos coprodutos da *Agave sisalana* para alimentação de ruminantes. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 63(6), 1493-1501.
- Campos, A. R. N., Santana, R. A. C., Dantas, J. P., Oliveira, L. S. C., & Silva, F. L. H. (2005). Enriquecimento protéico do bagaço do pedúnculo de caju por cultivo semissólido. *Revista de Biologia e Ciências da Terra*, 5(2), 0.
- Canedo, M. S. (2015). *Enriquecimento proteico do bagaço de malte por Rhizopus oligosporus CCT 4134 e adição em dietas de juvenis de tilápia do nilo (Oreochromis niloticus)*. [Dissertação de Mestrado]. Universidade Federal de Goiás.
- Canedo, M. S., Paula, F. G., Silva, F. A., & Vendruscolo, F. (2016). Protein enrichment of brewery spent grain from *Rhizopus oligosporus* by solid-state fermentation. *Bioprocess and biosystems engineering*, 39(7), 1105-1113.
- Cardoso, M. S. (2019). Panorama tecnológico de uso de resíduos do sisal. *Revista semioses: Inovação, Desenvolvimento e Sustentabilidade*, 13(3), 13-23.
- Chein, F. (2019). *Introdução aos modelos de regressão linear: um passo inicial para compreensão da econometria como uma ferramenta de avaliação de políticas públicas*. Enap.
- Conceição, T. A. (2010). *Estudo da produção de enzimas ligninolíticas por fungos agaricomycetes cultivados em resíduos agro-industriais do estado da Bahia*. [Dissertação de Mestrado]. Universidade Estadual de Feira de Santana.
- Coniglio, R. O., Díaz, G. V., Fonseca, M. I., Castrillo, M. L., Piccinni, F. E., Villalba, L. L., Campos, E., & Zapata, P. D. (2020). Enzymatic hydrolysis of barley straw for biofuel industry using a novel strain of *Trametes villosa* from Paranaense rainforest. *Preparative Biochemistry & Biotechnology*, 50(8), 753-762.

- Dias, L. S., Beserra, A. V. S., Santos, R. A., Sousa, A. A., Lira Neto, A. B., Landim, A. E. F. G., Barrozo, G. F., & Silva, C. J. V. (2021). Incorporação de resíduos da produção de fibras de sisal em argamassa: Efeitos nas propriedades físicas e mecânicas. *Revista Matéria*, 26(3).
- Dinil, A.; & Jacob, A. (2022). Valorization of Agro-industrial Discards in Fermentation for the Production of Cellulase Enzyme. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 16, 347-354.
- Ferro, J. H. A., Lemos, E. E. P., Pereira, K. P., Guimarães, R. T. A., Peiter, A. S., & Peiter, F. S. (2025). Enriquecimento Proteico da Silagem de Resíduo Agroindustrial de Maracujá por Bioconversão de Leveduras. *Revista de Gestão e Secretariado*, 16(5), 1-20.
- Gil, A. C. (2017). *Como elaborar projetos de pesquisa*. (6ed). Editora Atlas.
- IBGE. (2023). *Produção Agrícola - Lavoura Permanente*. <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/ba/pesquisa/15/12046?localidade=0>.
- Joshi, V. K.; & Sandhu, D. K. (1996). Preparation and evaluation of an animal feed byproduct produced by solid-state fermentation of apple pomace. *Bioresource Technology*, 56(3), 251-255.
- Lima, L. C. (2017). *Enriquecimento proteico a partir do resíduo do processamento do caju por fermentação em estado semissólido*. [Dissertação de Mestrado]. Centro Universitário SENAI CIMATEC.
- Macedo, A. D. B. (2016). *Enriquecimento proteico da palma forrageira e do sisal por fermentação semissólida*. [Monografia]. Universidade Federal de Campina Grande.
- Mahesh, M. S.; & Mohini, M. (2013). Biological treatment of crop residues for ruminant feeding: A review. *African Journal of Biotechnology*, 12(27), 4221-4231.
- Marone, M. P.; Raya, F. T.; Magalhães, E. C. D.; Soares, A. C. F.; Carazzolle, M. F.; & Pereira, G. A. G. (2020). Sisal: de um passado rústico para um futuro brilhante. In: Santos, C. C. (org.), *O semiárido brasileiro e suas especificidades*. (pp. 40-58). Editora Atena.
- Medeiros, S. R.; & Marino, C. T. (2015). Proteínas na nutrição de bovinos de corte. In: Medeiros, S. R.; Gomes, R. C.; Bungenstab, D. J. (org.), *Nutrição de bovinos de corte* (pp. 29-44). Embrapa.
- Pereira A. S. et al. (2018). *Metodologia da pesquisa científica*. [free e-book]. Editora UAB/NTE/UFSM.
- Santos, D. O. J.; Fontes, C. M. A.; & Lima, P. R. L. (2017). Uso de agregado miúdo reciclado em matrizes cimentícias para compósitos reforçados com fibras de sisal. *Revista Matéria*, 22(1).
- Santos, E. M. C.; & Silva, O. A. (2017). Sisal na Bahia - Brasil. *Mercator*, 16, 1-13.
- Santos, E. M. C.; Coelho Neto, A. S.; & Silva, O. A. (2015). De Região Sisaleira a Território do Sisal: desvelando as nuances do processo de delimitação da diferenciação espacial no Semiárido Baiano. *GeoTextos*, 11(2), 131-151.
- Santos, R. D., Neves, A. L. A., Pereira, L. G. R., Araújo, G. G. L., Voltolini, T. V., Costa, C. T. F., & Oliveira, G. F. (2013). Coprodutos do desfibramento do sisal como alternativa na alimentação de ruminantes. *Circular técnica online*, 1, 1-7.
- Silva, D. J.; & Queiroz, A. C. (2002). *Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos*. UFV.
- Silva, J. L., Silva, O. S., Alves, F. M. S., Vieira, N. C., & Nascimento, A. M. (2017). Enriquecimento proteico de resíduo de umbu-cajá empregando fermentação semissólida. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*, v. 12(5), 854-857.
- Silva, G. M. S., Costa J. S., Cabral Filha, M. C. S., Lima, A. B. S., & Silva, O. S. (2016). Enriquecimento proteico do resíduo de abacaxi mediante fermentação semissólida. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*, 11(5), 39-44.
- Shitsuka et al. (2014). *Matemática fundamental para a tecnologia*. Editora Érica.
- Sousa, A. P. M. (2016). *Utilização de resíduos de jaca no desenvolvimento de novos produtos*. [Dissertação de Mestrado]. Universidade Federal Campina Grande.
- Sousa, A. P. M.; Macedo, A. D. B.; Silva, A. P. F.; Costa, J. D.; Dantas, D. L.; Apolinário, M. O.; Santana, R. A. C.; & Campos, A. R.N. (2020). Enriquecimento proteico dos resíduos da jaca por fermentação semissólida / Enriquecimento protéico de resíduos de jaca por fermentação semissólida. *Revista Brasileira de Ciência Aplicada*, 4(3), 987-997.
- Sousa, S. M. F., Silva, R. S., Silva, O. S., Oliveira, A. S., Nogueira, L. P. S., Lima, M. E. P., Araújo, M. A., & Nunes, J. S. (2021). Enriquecimento proteico do resíduo da goiaba (*Psidium guajava* L.) por meio da fermentação semissólida. *Research, Society and Development*, 10(1), 1-8.
- Varjão, L. B. (2011). *Produção e caracterização de celulasas de fungos e actinobactérias isolados de ambientes brasileiros*. [Dissertação de Mestrado]. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.
- Vieira, S. (2021). *Introdução à bioestatística*. Editora GEN/Guanabara Koogan.
- Viniegra-Gonzales, G. (1997). *Solid state fermentation: Definition, Characteristics, Limitations and Monitoring*. Kluwer Academic Publishers.
- Yafetto, L.; Odamtten, G. T.; & Kwagyan M. W. (2023). Valorization of agro-industrial wastes into animal feed through microbial fermentation: A review of the global and Ghanaian case. *Helyon*, 9(4), 1-14.
- Yamanaka, R., Soares, C. F., Matheus, D. R., & Machado, K. M. G. (2008). Lignolytic enzymes produced by *Trametes Villosa* CCB176 under different culture conditions. *Brazilian Journal of Microbiology*, 39, 78-84.