RECUPERAÇÃO DE PROTEÍNAS DO SORO POR ADSORÇÃO

Sérgio Henriques Saraiva[1]; Luis Antonio Minim[2]; Luciano José Quintão Teixeira[1]; Mirela Guedes Bosi[1]; Luis Cesar da Silva[1]; Wilmer Edgard Luera Peña[1]; Joel Camilo de Souza Carneiro[1]

[1]Departamento de Engenharia Rural, Universidade Federal do Espírito Santo, Alto Universitário, s/n°, Cx. Postal 16, Alegre, ES, Cep: 29500-000, Brasil; [2]Departamento de Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal de Viçosa, Campus Universitário s/n, Viçosa/MG, Cep: 36571-000, Brasil

INTRODUÇÃO

O soro de queijo é um produto biológico proveniente das indústrias de laticínios e possui em sua composição substâncias tais como minerais, peptídeos, aminoácidos, lactose, ácido láctico, proteínas e resíduos de caseínas e de gordura do leite. A principal aplicação para o soro do leite tem sido na alimentação animal. No entanto, alguns trabalhos têm sido dedicados à recuperação de importantes componentes do soro, como as proteínas, que uma vez separados e purificados adequadamente, podem ser utilizados nas indústrias de alimentos e farmacêutica (Carrére, 1993). As indústrias de alimentos exploram as propriedades funcionais e físico-químicas das proteínas, tais como absorção e ligação de água, capacidade de formação de gel, elasticidade, emulsificação entre outras, na produção de alimentos processados como carnes, pães, biscoitos, cereais matinais, massas, produtos de confeitaria, queijos, iogurtes e sorvetes (Cayot e Lorient, 1997).

Indústrias em todo o mundo processam anualmente milhões de toneladas de produtos protéicos, gerando uma grande quantidade de resíduos ricos em proteínas que, por apresentarem alto valor biológico, têm despertado crescente interesse em seu aproveitamento para nutrição humana ou animal. Além disso, a produção de proteínas com funções terapêuticas, entre outras, revela a necessidade de se desenvolver, a custos cada vez menores, processos biotecnológicos eficientes para a recuperação, separação e purificação dessas proteínas a partir do meio onde foram produzidas (Atkinson e Sainter, 1982).

A grande maioria dos processos de purificação de proteínas envolve pelo menos um passo cromatográfico. Geralmente, a cromatografia é a etapa chave para o sucesso de um processo de purificação (Simpson, 1994). O grande sucesso das separações cromatográficas de proteínas é a sua habilidade de atingir elevado grau de pureza a partir de misturas com reduzidas concentrações dos compostos de interesse (Boschetti e Coffman, 1994). Vários métodos de cromatografia preparativa para o fracionamento de proteínas do soro têm sido relatados. Cromatografia de troca aniônica em QMA-Spherosil foi usada para concentrar as proteínas do soro e separá-las da lactose, por meio da eluição das proteínas adsorvidas usando ácido clorídrico (Skudder, 1985). Hahn et al. (1997) fracionaram as proteínas do soro utilizando cromatografia de troca catiônica. Ye et al. (2000) isolaram lactoferrina, lactoperoxidase, □-la e □-lg do soro bovino usando um trocador catiônico e um trocador aniônico em seqüência.

O objetivo desse trabalho é modelar o processo de adsorção das proteínas do soro, □-lactoalbumina (□-la) e □-lactoglobulina (□-lg), pela resina de troca aniônica Streamline Q XL em tanques agitados.

MATERIAL E MÉTODOS

Modelo de transferência de massa

Arves e Liapis (1987) apresentaram um modelo geral para predizer o comportamento dinâmico da adsorção em tanques agitados. Este modelo leva em consideração a difusão dentro dos poros da partícula e a resistência à transferência de massa no filme de líquido na superfície da partícula. Horstmann e Chase (1989) e Carrère (1993) utilizaram um modelo similar para a adsorção de proteínas em resinas trocadoras de íons. As equações do modelo englobam um balanço de massa sobre a partícula e um balanço de massa na fase líquida externa à partícula.

As seguintes considerações básicas foram utilizadas para a formulação do modelo:

$$\frac{\partial C_{bi}}{\partial t} + \frac{3V_p k_i}{R_p V_b}\left(C_{bi} - C_{pi,R=R_p}\right) = 0 \quad (1)$$

$$(1-\varepsilon_p)\frac{\partial C^s_{pi}}{\partial t} + \varepsilon_p \frac{\partial C_{pi}}{\partial t} - \varepsilon_p D_{pi}\left[\frac{1}{R^2}\frac{\partial}{\partial R}\left(R^2 \frac{\partial C_{pi}}{\partial R}\right)\right] = 0 \quad (2)$$

Com as seguintes condições iniciais e de contorno

$$t = 0 \Rightarrow C_{bi} = C_{0i} \quad (3)$$

$$t = 0 \Rightarrow C_{pi} = 0 \quad (4)$$

$$R = 0 \Rightarrow \frac{\partial C_{pi}}{\partial R} = 0 \quad (5)$$

$$R = R_p \Rightarrow \frac{\partial C_{pi}}{\partial R} = \frac{k_i}{\varepsilon_p D_{pi}}(C_{bi} - C_{pi,R=R_p}) \quad (6)$$

As Eq. (1) e (2) são acopladas via $C_{pi,R=R_p}$ que é a concentração do componente *i* na superfície da partícula. Na Eq. (2), C^s_{pi} é a concentração do componente *i* na fase sólida do adsorvente com base na unidade de volume do sólido, excluindo os poros. Ela está diretamente associada com as isotermas de adsorção que estão acopladas ao sistema de equações diferenciais parciais com base na consideração 3. No presente trabalho utilizou-se a isoterma de Langmuir (1916) como modelo de equilíbrio (Eq. 7).

$$C^S_{pi} = \frac{q_m C_{pi}}{k_d + C_{pi}} \quad (7)$$

Experimentos

Para condicionar a resina Streamline Q XL (diâmetro médio de partícula de 46 μm; densidade da partícula seca de 2,1 mg/mL), procedeu-se sua lavagem com água destilada, seguida do duplo pré-condicionamento com solução-tampão de Tris-HCl 0,1 M pH 7,4 por 30 minutos em agitação suave. Em seguida, condicionou-se a mesma com solução tampão de Tris-HCl 0,045 M pH 7,4 por 12 horas em agitação suave, seguida de filtração à vácuo para retirada de líquido. Para obtenção das curvas de cinética de adsorção, adicionou-se a vários filtros-seringa 100 mg de resina condicionada e 2 mL de solução contendo 5% (m/v) de isolado protéico de soro, deixando-se o sistema sob leve agitação por um período variável de 0,25 a 60 minutos. A quantificação de proteínas das amostras foi realizada por cromatografia líquida de alta eficiência segundo Ferreira (2001). A determinação dos parâmetros do modelo de Langmuir para as proteínas em estudo foram realizadas por Fontan et al. (2003) e os valores de q_m e k_d ajustados foram respectivamente iguais a 48,86 mg/g e 0,04 mg/mL para a α-la e 179,29 mg/g e 0,20 mg/mL para a β-lg.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para avaliar a adequação do modelo proposto, compararam-se as curvas de cinética obtidas experimentalmente com aquelas simuladas pelo modelo. Os resultados experimentais e os simulados pelo modelo são apresentados na Figura 1. Observando a Figura 1, pode-se concluir que o modelo conseguiu predizer as cinéticas de transferência de massa com boa precisão, indicando que ele é adequado para a simulação do processo.

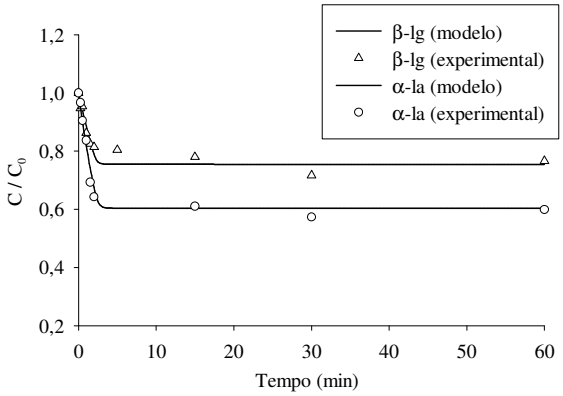


Figura 3 – Cinéticas de transferência de massa das proteínas do soro, α-la e β-lg, experimentais e simuladas.

CONCLUSÃO

O procedimento numérico para a solução do modelo de transferência de massa em tanques agitados que considera difusão dentro da partícula, resistência à transferência de massa no filme líquido na superfície da partícula e equilíbrio instantâneo na superfície da partícula foi eficiente para a simulação de um processo de adsorção em troca iônica sendo capaz de simular a adsorção simultânea das proteínas do soro □-la e □-lg por uma resina de troca iônica com um tempo de simulação inferior a 1 minuto em um PC Pentium – 2 GHz.

O modelo proposto pode ser útil na análise da cinética de transferência de massa em sistemas cromatográficos conduzidos em batelada. A concordância das cinéticas de transferência de massa simuladas com as obtidas experimentalmente demonstra que o modelo proposto é adequado para a simulação dos sistemas em estudo, podendo ser utilizado como uma poderosa ferramenta para as etapas de projeto, otimização e aumento de escala para os processos de adsorção das proteínas do soro em tanques agitados.


CBRO
Congresso Brasileiro
de Resíduos Orgânicos