

Diversidade e dinâmica fúngica em consórcios microbianos enriquecidos com lignina: uma abordagem por *Metabarcoding*

Balestrini, V. P.^(1,4), Krüger, R. H.⁽²⁾, Quirino, B. F.^(2,3)

⁽¹⁾Estudante doutorado em Biologia Microbiana, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽²⁾Professor(a), Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF,

⁽⁴⁾e-mail autor correspondente: vitoriapbalestrini@gmail.com

Resumo - A lignina é um polímero aromático recalcitrante presente nas paredes celulares vegetais, cuja complexidade estrutural limita seu aproveitamento biotecnológico. Fungos têm destaque nesse processo devido à produção de enzimas ligninolíticas e a identificação de suas comunidades pode ser realizada com base na região ITS do DNA ribossômico. Este estudo teve como objetivo avaliar a dinâmica de comunidades fúngicas em consórcios microbianos enriquecidos com lignina, buscando compreender os efeitos do tipo de lignina e da temperatura sobre a seleção microbiana. Para isso, foram utilizados consórcios provenientes de dois solos distintos: um proveniente de jardim de compostagem e outro sendo comercial da marca *Miracle Growth*. Esses consórcios foram cultivados em meio mínimo M9 suplementado com elementos traços, utilizando lignina Kraft ou lignina extraída da gramínea *switchgrass* (*Panicum virgatum*) por método alcalino como única fonte de carbono, em temperaturas de 30 °C ou 37 °C, ao longo de seis passagens sucessivas realizadas a cada duas semanas. O DNA foi extraído via kit All Prep DNA/RNA (Qiagen) em cada passagem, o DNA foi então usado em reações em cadeia da polimerase (PCR) para amplificar as cópias da região ITS (ITS9/ITS4). Os fragmentos tiveram sua qualidade analisada no *Bioanalyzer*. As sequências de ITS foram sequenciadas pelo *Joint Genome Institute* pela plataforma Illumina Miseq (2 x 150 bp). As sequências do amplicon ITS rDNA foram processadas no RStudio utilizando diferentes programas, com a geração de atribuição taxonômica e cálculo de métricas de diversidade alfa (ASVs observadas, Chao1, Shannon, Simpson, *PD Whole Tree* e *Good's coverage*). Os resultados evidenciaram que o enriquecimento com lignina promoveu forte redução da diversidade, originando comunidades fúngicas menos complexas, porém estáveis ao longo do processo. Observou-se ainda que a temperatura modulou a composição microbiana, gerando perfis distintos em cada tipo de lignina. Os dados dos fungos foram analisados também pelo FunGuildR, apresentando plasticidade funcional, com potenciais estratégias de modo tróficos associados à decomposição de matéria orgânica. Conclui-se que o processo de enriquecimento com lignina, em interação com a temperatura, atuou como importante força seletiva reduzindo a diversidade dos consórcios. Esse processo direciona a persistência de fungos com maior plasticidade funcional e capacidade adaptativa, capazes de explorar diferentes estratégias tróficas e manter sua competitividade ao longo do enriquecimento.

Palavras-chave: Metataxononia; Bioinformática; Degradação de Lignina.