

## AVALIAÇÃO DO IMPACTO NA ESTRUTURA E FUNÇÃO DA MICROBIOTA EM DIGESTORES ANAERÓBIOS SUBMETIDOS A ESTRESSE DE AMÔNIA

Igor Vinicius Machado Sophiatti (PIBIC-CNPq), Flaviane Eva Magrini, João Ferri da Silva, Airton Kunz, Suelen Osmarina Paesi (Orientador(a))

A digestão anaeróbica (DA) é um processo biotecnológico para o tratamento de resíduos orgânicos e geração de biogás, uma alternativa energética sustentável produzida por diferentes grupos de microrganismos. A atuação da microbiota na DA depende da estabilidade dos reatores anaeróbicos e pode ser prejudicada por diversos fatores, como altas concentrações de amônia provenientes da degradação de compostos nitrogenados. Este estudo investigou os efeitos da inibição por amônia em reatores alimentados com esterco suíno e suplementado com concentrações de uréia. Foram conduzidos ensaios em dois reatores para avaliação da microbiota: um controle (C) e outro com membrana (M) para remoção de uréia. Foram retiradas amostras em diferentes períodos da DA de ambos os reatores (M81; M100; M114/C81; C100; C114) para extração de DNA com o kit DNeasy Power Soil Kit. O sequenciamento do DNA foi realizado via plataforma Illumina *Miseq* a partir da amplificação das regiões V3-V4 do gene 16S rRNA. A análise das leituras foi realizada com a plataforma QIIME2. Sequências de primers e adaptadores foram removidas com plugin q2-cutadapt, enquanto erros de sequenciamento e leituras de baixa qualidade foram filtradas com o algoritmo DADA2. As sequências finais foram utilizadas para anotação taxonômica a partir do banco de dados SILVA (v.138) e predição funcional com o software PICRUSt2. A avaliação taxonômica revelou que a abundância do filo Firmicutes aumentou (até 74,76% em M100), enquanto a de Bacteroidota reduziu significativamente, corroborando a sensibilidade deste filo a altas concentrações de amônia. O gênero acetoclástico *Methanosaarcina* foi o grupo predominante de arqueias com 4% (M81 e C81) e teve queda expressiva com o aumento de amônia nos reatores (0,35%), seguido por recuperação considerável após a ativação das membranas em M114 (3,36%). A predição metabólica indicou que as vias de metanogênese acetoclástica foram predominantes, destacando enzimas como acetil-CoA sintetase e acetato quinase. Genes relacionados à assimilação de nitrogênio, como glutamina sintetase e glutamato desidrogenase, apresentaram aumento de abundância, indicando adaptação da microbiota ao estresse por amônia. Os resultados indicam que a aplicação de membranas foi eficiente na recuperação da microbiota afetada pelas altas concentrações de amônia, demonstrando ser uma estratégia eficaz para otimizar as condições necessárias para a produção de biogás.

Palavras-chave: Digestão anaeróbica, Metataxonômica, Biogás

Apoio: UCS, CNPq