ESTRUTURA DE COMUNIDADES BACTERIANAS EM SOLO DE CERRADO SOB PASTAGEM, LAVOURA E INTEGRAÇÃO LAVOURA-PECUÁRIA

J. Q. Gonçalves[1]; J. D. Bresolin[2]; F. Schlemmer[3]; S.R. Passos[4]; I. C. Mendes[5]; G. R. Xavier[6]; F. B. Reis Junior[5]

[1]Estudante de Biologia da UnB, Bolsista de Graduação PIBIC CNPq/Embrapa Cerrados; [2]Bolsista CNPq/Embrapa Cerrados;
[3]Estudante de Pós-Graduação em Gestão e Manejo Ambiental em Sistemas Agrícolas (UFLA), Bolsista Embrapa Cerrados;
[4]Bolsista de Iniciação Científica da Embrapa Agrobiologia; [5]Pesquisador Embrapa Cerrados; [6]Pesquisador Embrapa Agrobiologia

Introdução

A comunidade microbiana dos solos desempenha papel fundamental na regulação dos processos biogeoquímicos formadores e mantenedores dos ecossistemas. Os manejos adotados pelas atividades agropecuárias podem afetar esses processos ao provocar alterações nas propriedades biológicas dos solos, e estudos recentes sugerem que a diversidade microbiana pode ser utilizada como um indicador dessas alterações.

Uma das técnicas mais utilizadas para avaliação da estrutura das comunidades microbianas do solo é o DGGE (Eletroforese em Gel com Gradiente de Desnaturante). A técnica é baseada na amplificação dos fragmentos de DNA por PCR e eletroforese em um gel de poli-acrilamida com gradiente de desnaturação, em que é possível separar fragmentos de DNA de mesmo tamanho, mas com diferentes seqüências de bases (MUYZER et al., 1993).

Esse trabalho teve por objetivo utilizar a técnica de DGGE para comparar a estrutura das comunidades bacterianas em solo de Cerrado sob pastagem, lavoura e integração lavoura-pecuária.

Resultados

O DNA extraído das amostras de solo foi visualizado em gel de agarose 0,8 % e apresentou boa qualidade (Figura 1).

Os produtos amplificados a partir do DNA extraído do solo, mostrados na Figura 2, correspondem ao fragmento de cerca de 500 pb da região do 16S DNAr flanqueada pelos primers utilizados (U968f-GC e L1401r ZOETENDAL et al.,1998).

A análise do dendrograma, gerado a partir dos resultados de DGGE, mostra a formação de três agrupamentos principais, um deles formado por amostras de solo sob integração lavoura-pecuária, o segundo grupo, com 30 % de similaridade com o grupo anterior, formado por amostras coletadas sob lavoura e uma amostra coletada sob integração lavoura-pecuária e, finalmente, um grupo formado pelas 4 amostras coletadas de áreas sob pastagem, com apenas 20 % de similaridade com os outros dois grupos (Figura 3).

O grupo formado pelas comunidades bacterianas de amostras de solo coletadas em áreas sob pastagem de gramínea pura foi o que apresentou maior similaridade entre as repetições sob um mesmo tratamento, no mínimo 60 %. A uniformidade das áreas sob pastagem e seu caráter perene, provavelmente, são fatores que influenciaram tal observação.

Os resultados deste trabalho reforçam a hipótese de que solos sob diferentes manejos, também caracterizados pela alteração da comunidade vegetal, apresentam comunidades bacterianas distintas. Considerando que a qualidade do solo é diretamente influenciada pelos processos mediados por microrganismos, é provável que a análise da estrutura das comunidades microbianas apresente potencial para indicar com antecedência a degradação de um solo ou sua recuperação em função do tipo de manejo adotado.

Na continuação destes estudos, o próximo passo será a identificação de bandas predominantes em todas as amostras, ou aquelas presentes apenas sob determinado manejo, o que poderá ser feito por meio de sua eluição dos géis e posterior seqüenciamento. Esse procedimento possibilitará conhecer as populações mais dominantes da comunidade e as que são mais afetadas pelo manejo estabelecido.

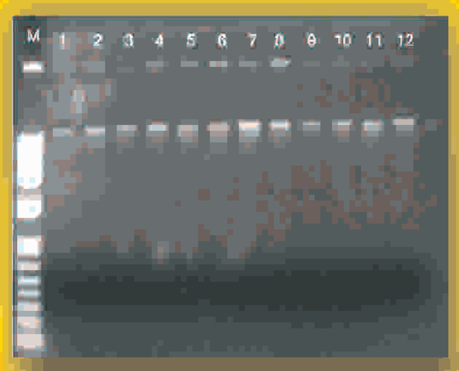


Figura 1. DNA extraído de amostras de solo. M: marcador 100bp; 1, 2, 3, 4: amostras de solo sob pastagem contínua de gramínea pura; 5, 6, 7, 8: amostras de solo sob integração lavoura-pecuária; 9, 10, 11, 12: amostras de solo sob lavoura contínua. Gel de agarose 0,8 %.

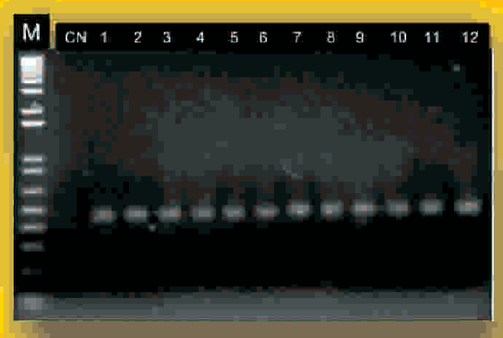


Figura 2. Produtos da amplificação (região 16S DNAr) do DNA extraído das amostras de solo. M: marcador 100bp; CN: controle negativo; 1, 2, 3, 4: amostras de solo sob pastagem contínua de gramínea pura; 5, 6, 7, 8: amostras de solo sob rotação integração lavoura-pecuária; 9, 10, 11, 12: amostras de solo sob lavoura contínua. Gel de agarose 1 %.

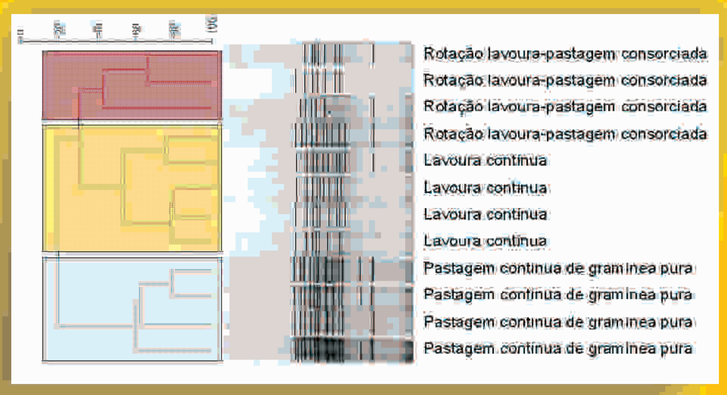
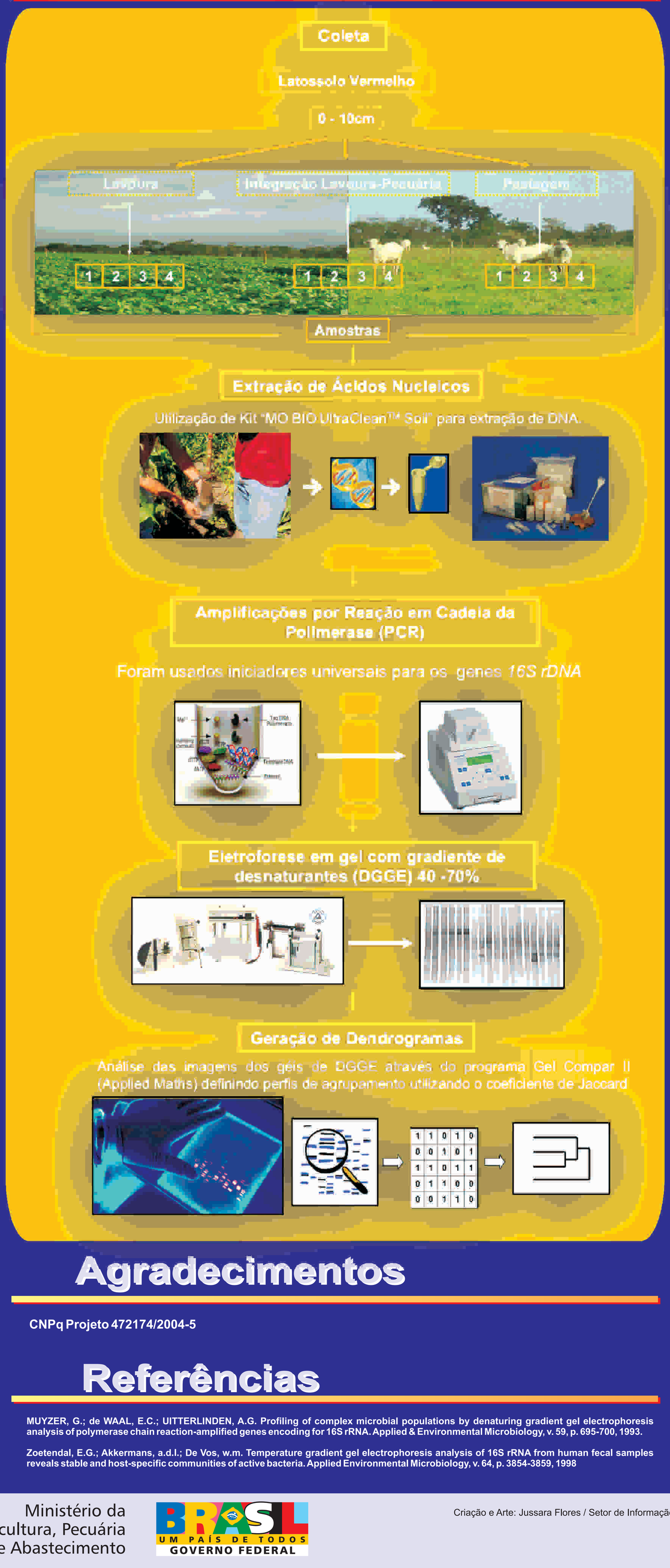


Figura 3. Dendrograma de similaridade da estrutura das comunidades bacterianas de áreas sob lavoura contínua, pastagem contínua de gramínea pura e integração lavoura-pecuária. O dendrograma foi gerado pelo algoritmo UPGMA e pela matriz de similaridade de Jaccard a partir dos dados obtidos com a análise dos resultados de DGGE.

Metodologia



Agradecimentos

CNPq Projeto 472174/2004-5

Referências

MUYZER, G.; de WAAL, E.C.; UITTERLINDEN, A.G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes encoding for 16S rRNA. Applied & Environmental Microbiology, v. 59, p. 695-700, 1993.

Zoetendal, E.G.; Akkermans, a.d.l.; De Vos, w.m. Temperature gradient gel electrophoresis analysis of 16S rRNA from human fecal samples reveals stable and host-specific communities of active bacteria. Applied Environmental Microbiology, v. 64, p. 3854-3859, 1998

Embrapa Cerrados

Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

BRASIL UM PAÍS DE TODOS GOVERNO FEDERAL

Criação e Arte: Jussara Flores / Setor de Informação