



COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE BACTERIANA DO SOLO SOB SISTEMAS INTEGRADOS NA REGIÃO NORTE DE MATO GROSSO

Kellen Carmo (doutoranda)¹, Maira Bourscheidt (graduanda)¹, Gilcele Berber (mestre)², Raquel Dias (doutoranda)³, Eric W. Triplett (colaborador)³, Oscarlina Weber (orientadora)¹ Anderson Ferreira (co-orientador)⁴

Os sistemas integrados de produção agrícola estão sendo estudados como uma alternativa aos monocultivos tradicionais no intuito de tornar a atividade agrícola sustentável, particularmente no estado do Mato Grosso. Entretanto, ainda não se conhece como essa atividade afeta as propriedades microbiológicas do solo. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar e comparar os efeitos de sistemas integrados na composição da comunidade bacteriana do solo com diferentes monocultivos tendo como área referência uma mata nativa do bioma de transição Cerrado e Amazônia. O local de estudo está localizado na Embrapa Agrossilvipastoril no município de Sinop/MT e foram avaliados sete tratamentos (1-mata nativa, 2-lavoura, 3-pecuária, 4-eucalipto, 5-integração eucalipto lavoura (iEL), 6-integração eucalipto pecuária (iEP), 7-integração eucalipto lavoura pecuária (iELP)) dispostos em quatro blocos casualizados, os quais foram conduzidos segundo as recomendações agrônomicas das espécies cultivadas. As amostras de solo foram coletadas nas épocas de chuva e estiagem em 2012 com o auxílio de trado holandês na profundidade de 0-10 cm, considerando 20 pontos aleatórios com caminhamento zigue-zague para fazer uma composta de cada tratamento. A extração de DNA total do solo foi realizada com o kit MoBio UltraClean™ Soil DNA (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA., EUA) conforme protocolo descrito pelo fabricante e sequenciado pela tecnologia Illumina (Illumina, Inc., CA, USA) com a plataforma MiSeq na Universidade da Florida (Gainesville, EUA). Por meio de ferramentas de bioinformática 2.957.127 sequencias do gene 16S rRNA com alta qualidade foram obtidas, sendo que 2.172.432 de OTUs (Operational Taxonomic Units) foram classificados para o domínio Bacteria, 3.564 Archaea e 262.994 não foram classificados. A composição bacteriana do solo com abundância relativa $\geq 10\%$ a nível de filo apresentou três táxons, porém Firmicutes e Proteobacteria apresentaram padrão de comportamento de maior abundância na estiagem em relação a chuva para mata nativa e iELP e para a lavoura o padrão foi o oposto. A nível de classe, dentre cinco filos apenas Actinobacteria variou o comportamento para iELP e mata nativa com menor abundância na estiagem e maior na chuva, tendo a lavoura o comportamento inverso e para Clostridia ocorreu o mesmo padrão porém ao contrário para os respectivos tratamentos. Analisando a diferença entre os tratamentos por meio da dissimilaridade a nível de filo, corte de abundância relativa $\geq 0.05\%$ (18 filos na estiagem e 21 na chuva), o dendrograma baseado na distância euclidiana agrupou mata nativa e iELP como os mais semelhantes e lavoura o mais dissimilar dentre todos os tratamentos. Podemos concluir, que o sistema integrado eucalipto lavoura pecuária apresentou maior semelhança na sua composição bacteriana do solo com a da mata nativa em comparação com os demais tratamentos avaliados, como também manteve o padrão do comportamento da abundância relativa parecido na época de estiagem, assim demonstrando indício de sustentabilidade.

Palavras-chave: Inovação microbiológica, Microbiologia do solo, Conservação ambiental.

Apoio: CNPq, Capes, Embrapa e Universidade da Florida (USA)
Área: Ecologia Microbiana

¹ Universidade Federal de Mato Grosso: kellenbcarmo@gmail.com, maira_lbb@hotmail.com, oscarlinaweber@gmail.com;

² Faculdade Fasipe: gilcelem@yahoo.com.br;

³ University of Florida: raquel.dias@ufl.edu, EWT@ufl.edu;

⁴ Embrapa Agrossilvipastoril: anderson.ferreira@embrapa.br