

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DA DINÂMICA DE GRUPOS BACTERIANOS DURANTE A TRANSIÇÃO ENTRE ÁREA NATIVA E CULTIVADA DE UM ARGISSOLO DA CAATINGA DO SERTÃO PERNAMBUCANO

Alícia Lie de Melo¹; Gisele Veneroni Gouveia¹; João José de Simoni Gouveia¹; Nataniel Franklin de Melo²; Mateus Matiuzzi da Costa¹; Adriana Mayumi Yano de Melo¹.
E-mail: *alciemelo94@gmail.com*

⁽¹⁾Universidade Federal do Vale do São Francisco; ⁽²⁾Embrapa Semiárido

RESUMO

Os micro-organismos são peças-chave na manutenção dos ecossistemas, participando de processos de decomposição da matéria orgânica, ciclagem de nutrientes e interações com outros organismos. O solo é a principal fonte de micro-organismos e abriga a maior diversidade do planeta; em decorrência das ações antropogênicas, particularmente devido ao uso intensivo para atividades agrícolas, este ambiente sofre constante mudança. Estudos demonstram relação inversa entre intensidade de cultivo e biodiversidade, com mudanças na estrutura da comunidade microbiana pela conversão de áreas nativas em cultivadas. Porém, mesmo levando ao desaparecimento de alguns grupos, a atividade agrícola pode não causar perdas na diversidade, pois outros grupos podem aparecer em razão dessas práticas - essas diferenças na comunidade podem, inclusive, não corresponder a perdas de funcionalidade. Neste sentido, abordagens moleculares podem ser importantes ferramentas para compreender a dinâmica dos micro-organismos do solo frente às alterações provocadas pelo homem, considerando que apenas 1% dos micro-organismos pode ser cultivado *in vitro*. Assim, buscou-se conhecer a estrutura e as mudanças ocorridas na comunidade microbiana edáfica de uma área de argissolo do Vale do São Francisco que passou de área nativa à cultivada. As coletas ocorreram em quatro períodos: 1) mata nativa (MN), 2) 192 dias após o desmatamento da área nativa (192 DAD), 3) preparo do solo (PS, solo arado e gradeado) e 4) sob cultivo (maracujá em consórcio com feijão caupi), com quatro repetições, em que cada unidade experimental era composta por seis subamostras, totalizando 24 amostras por período. Após a extração de DNA das amostras de solo, estas foram sequenciadas utilizando a tecnologia MiSeq (Illumina®). As sequências foram analisadas utilizando o software mothur, sendo classificadas em *phylotypes*. As proporções dos grupos dominantes de bactérias mudaram ao longo do tempo, em especial os grupos Acidobacteria, Actinobacteria e Proteobacteria. As Acidobacteria, inicialmente, representavam 52,25% da comunidade (MN), passando para 43,49% (192 DAD), 4,65% (PS) e 22,9% ao longo do tempo. Estes resultados indicam que as práticas de aragem e gradagem, adubação e a introdução das culturas aumentaram a proporção das Actinobacteria e Proteobacteria, sendo tal fato atribuído ao maior teor de nitrogênio decorrente destas práticas.

APOIO

Facepe e CNPq