

Poster (Painel)**192-1 Caracterização da comunidade microbiana de solo coberto por pastagem e de fragmento de floresta através de análise metagenômica**

Autores: Cíntia Coelho (UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora) ; André Furtado (EMBRAPA - EMBRAPA - Monitoramento por Satélite) ; Maurício Cantão (LNCC - Laboratório Nacional de Computação Científica) ; Marisa Nicolás (LNCC - Laboratório Nacional de Computação Científica) ; Cristina Rodrigues (EMBRAPA - EMBRAPA - Monitoramento por Satélite) ; Edmo Rodrigues (UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora) ; Cláudio Diniz (UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora) ; Vânia Silva (UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora) ; Dionéia Cesar (UFJF - Universidade Federal de Juiz de Fora)

Resumo

A degradação de pastagens é um problema mundial. No Brasil, esse problema afeta a sustentabilidade da pecuária. Em São Paulo, estima-se que em torno de 9.800.000 ha sejam ocupados pela pecuária, principalmente no oeste do estado. O mercado tem exigido a aplicação de técnicas sustentáveis de manejo e a mitigação de pastagens degradadas. Para a avaliação da qualidade de um solo, discute-se a necessidade de identificação de parâmetros de seu estado de conservação ou degradação. Neste caso, a diversidade microbiana tem sido utilizada como um desses parâmetros. O objetivo do presente estudo foi avaliar a diversidade taxonômica e funcional da comunidade microbiana presente em uma propriedade agrícola localizada no oeste do Estado de São Paulo. Para tanto, amostras de solo foram coletadas aleatoriamente em 10 pontos, na profundidade de 0-5 cm, em duas áreas da propriedade: (a) pasto coberto por *Brachiaria* e (b) fragmento de floresta. As amostras foram homogeneizadas e o DNA metagenômico foi extraído com o Power Max Soil kit. A qualidade e quantidade de DNA extraído foram avaliadas através de eletroforese em gel de agarose 0,8% e espectrofotometria. O DNA metagenômico obtido foi utilizado na construção de bibliotecas que foram sequenciadas na plataforma GS FLX Roche 454. As sequências foram comparadas ao banco de dados do NCBI e os “top hits” utilizados em análises com o software MEGAN para analisar a diversidade taxonômica. Para analisar as potenciais funções metabólicas foi utilizado o banco de dados SEED. Os resultados obtidos demonstraram que, no domínio Bacteria, os filos Proteobacteria, Fibrobacter/Acidobacteria e Actinobacteria são predominantes nas duas áreas, sendo que na área de pastagem degradada esses grupos foram observados em um maior número de reads. Com relação às categorias funcionais, os genes relacionados à virulência e metabolismo de carboidratos são os mais abundantes nas duas áreas, seguido por metabolismo de aminoácidos, proteínas e DNA. Os dados obtidos permitem sugerir que, o aumento da diversidade, principalmente de proteobactérias, nas áreas degradadas suscita discussão ampla sobre a qualidade dos solos, em relação aos micro-organismos necessários para fechamento dos ciclos biogeoquímicos para manutenção de altos níveis produtivos, além do incremento de micro-organismos de interesse clínico humano-veterinário. Apoio: MAPASTORE, CNPq, FAPERJ