

Poster (Painel)

237-1 Alterações funcionais da comunidade microbiana do solo associadas às emissões de N₂O em sistemas integração lavoura-pecuária e sistema plantio direto conduzidos sob longa duração

Autores: Clovis Daniel Borges (CENA-USP - Centro de Energia Nuclear na Agricultura) ; Lina Chuang Wong (CENA-USP - Centro de Energia Nuclear na Agricultura) ; Fábio Martins Mercante (CPAO - Embrapa Agropecuária Oeste) ; Siu Mui Tsai (CENA-USP - Centro de Energia Nuclear na Agricultura)

Resumo

O objetivo do estudo foi determinar através de PCR em tempo real a abundância de células do gene 16S rRNA em diferentes sistemas de manejo do solo. Os solos foram coletados em agosto de 2012 na estação experimental da Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados-MS em um sistema de longa duração nos diferentes sistemas: duas florestas e um cerrado como perfil comparativo, e oito sistemas de manejo do solo: sistema plantio direto (três áreas), sistema integrado lavoura-pecuária (duas áreas), sistema convencional e pastagem contínua. O DNA total das amostras foi extraído e usou-se o SYBR Green para avaliar os ensaios de PCR em tempo real. Os clones para os diferentes genes foram feitos e sequenciados para confirmação dos genes em estudo. Os primers usados para amplificação foram o 968F/1387R da região 16S rRNA, cnorBBF/cnorBBR e para nosZ gene, nosZ2F/nosZ2R. A análise estatística ANOVA foi realizada usando programa estatístico SAS e o nível de significância foi aceito com probabilidade de $P < 0.05$. A eficiência de todos os ensaios de qPCR para o gene 16S rRNA cnorB e nosZ foi de aproximadamente 98, 95 e 92%, respectivamente com desvio padrão de $\pm 2\%$ para os genes. A quantificação deste gene 16S variou de $5,45E+08$ a $3,16E+09$ para, sendo o maior número de células encontrado no sistema plantio direto b (SPDb), variando de 5 a 127% a mais no número de células em relação aos demais sistemas de manejo. O gene cnorB resultou em maiores quantidades de números de células nos sistemas conduzido sob pastagem permanente e no bioma cerrado. Quanto ao gene nosZ resultou em maior número de células sob os sistemas integração lavoura-pecuária e cerrado. Conclui-se que a quantidades de células bacterianas foi similar em todos os sistemas de manejo do solo. Entretanto, observou-se que os diferentes grupos funcionais foram influenciados pelos sistemas de manejo do solo. O gene cnorB foi potencialmente abundante nos sistemas cerrado e pastagem permanente, possivelmente, estes sistemas podem ter um incremento na emissão de N₂O para atmosfera. Por outro lado, os sistemas envolvidos com emissões do gás N₂ sugerem que o sistema integração lavoura-pecuária possa mitigar as emissões de óxido nitroso, devido apresentar incremento na abundância do gene nosZ e menor potencial de emissões do gene cnorB N₂O.

Palavras-chave: Ecologia microbiana, Interação planta microrganismo, Genes funcionais, Óxido nitroso, Manejo do solo