



# FERTBIO 2016

“RUMO AOS NOVOS DESAFIOS”

16 a 20 de Outubro  
Centro de Convenções de Goiânia - GO

## DIVERSIDADE GENÉTICA DA COMUNIDADE BACTERIANA DURANTE A COMPOSTAGEM DE RESÍDUOS AGRÍCOLAS ENRIQUECIDOS COM ROCHAS E BIOINOCULANTE

Caroline dos Santos Martins Guieiro<sup>1</sup>, Lygia Fátima da Mata Corrêa<sup>2</sup>, Amanda Nayê Guimarães Tavares<sup>1</sup>, Júlia Leles<sup>1</sup>, Fabrício Nascimento Ferreira<sup>1</sup>, Ubiraci Gomes de Paula Lana<sup>1</sup>, Ivanildo Evódio Marriel<sup>1</sup>, Eliane Aparecida Gomes<sup>1</sup>, Christiane Abreu de Oliveira Paiva<sup>1</sup>,

<sup>1</sup>CNPMS, Sete Lagoas –MG, [christiane.paiva@embrapa.br](mailto:christiane.paiva@embrapa.br); <sup>2</sup>UFSJ, Sete Lagoas –MG.

A produção de fertilizantes organominerais enriquecidos com microrganismos e granulados, a partir de resíduos agrícolas, constitui uma estratégia viável para a agricultura brasileira. A qualidade dos produtos gerados por compostagem depende da dinâmica da comunidade microbiana que atua no processo. Neste sentido, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a dinâmica da diversidade genética bacteriana durante a compostagem de diferentes resíduos agrícolas enriquecidos com rochas potássicas e fosfáticas e bioinoculante. As amostras foram coletadas nos tempos 0, 30, 60 e 90 dias, em sistemas de compostagem onde foram testadas as seguintes combinações: tratamento 1 (capineira + esterco bovino), tratamento 2 (cana + esterco bovino + cama de frango + rocha), tratamento 3 (cana + esterco bovino + cama de frango), tratamento 4 (capineira + esterco bovino + bioinoculante), tratamento 5 (cana + esterco bovino + cama de frango + bioinoculante) e tratamento 6 (cana + esterco bovino + cama de frango + rocha + bioinoculante). O bioinoculante usado foi *Pseudomonas* sp. Tw 224, sendo o mesmo considerado solubilizador de rochas potássicas e fosfáticas. Cada tratamento foi montado em pilhas de compostagem com 4,5 m de comprimento, 1,2 m de largura e 1,0 m de altura. O DNA das amostras de cada tratamento foi extraído e amplificado com primers para a região 16S rDNA. Os produtos de PCR foram analisados por eletroforese em gel de gradiente desnaturante (DGGE), cujos gradientes de desnaturação foram de 40 a 65%. O DNA eluído dos géis de DGGE foi sequenciado e as sequências obtidas foram submetidas à análise de similaridade com o banco de dados GenBank. Os resultados demonstraram alta diversidade genética da comunidade bacteriana, durante a compostagem dos resíduos agrícolas enriquecidos com rochas potássicas/fosfáticas e bioinoculante, principalmente no período entre 0 a 30 dias do processo. Foram identificadas as espécies *Staphylococcus lentus* e *Rheinheimera hassiensis*, com 96 e 100% de similaridade, respectivamente. Porém, a alta proporção de bactérias não-cultiváveis detectadas reforça a necessidade de estudos complementares, visando um melhor entendimento da composição e dinâmica da comunidade microbiana avaliada.

**Palavras-chave:** microrganismos, compostagem, resíduos.

Apoio financeiro: EMBRAPA, FAPEMIG e CNPq.

Promoção

Realização