



GISELLE G. MONTEIRO¹, MIRIAM K. UTIDA², CHRISTIANE A. OLIVEIRA²,
ETELVINO H. NOVOTNY³, RAMON C. ALVARENGA³, ANTÔNIO C. OLIVEIRA³
e IVANILDO E. MARRIEL³.

¹Izabela Hendrix, 30.360-012, Belo Horizonte, MG; ²UFMG, Belo Horizonte, MG,

³Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil. E-mail: imarriel@cnpmc.embrapa.br

Palavras-chave: contagem, microrganismos, diversidade, estrutura

INTRODUÇÃO

Atualmente, há interesse crescente na relação entre a biodiversidade do solo e a função de ecossistemas (Nannipieri et al., 2003). Entretanto, conhece-se pouco sobre a importância da diversidade da comunidade microbiana do solo para o funcionamento sustentado dos ecossistemas (Zak et al., 2003), especialmente após a substituição de vegetação nativa por sistemas agrícolas ou agroflorestais. No Brasil, a vegetação do cerrado vem sendo sistematicamente substituída por culturas, pastagens e espécies exóticas de crescimento rápido, como *Eucalyptus* spp e *Pinus* spp. As comunidades microbianas heterotróficas que habitam o solo mediam processos-chaves que controlam a ciclagem de nutrientes, e que potencialmente representam o elo mecânico entre a diversidade de plantas e a função de ecossistemas. Entretanto, poucos estudos têm investigado experimentalmente a influência da diversidade de plantas sobre os microrganismos do solo (Bargett & Shine, 1999; Stephan et al., 2000).

A disponibilidade e a composição de substâncias orgânicas liberadas no ecossistema dependem da diversidade das plantas e interferem na composição das comunidades bióticas (Odham et al., 1986; Schorth & Weinhold, 1986). Essas substâncias exercem um papel seletivo sobre a comunidade de microrganismos e estes, por sua vez, participam direta ou indiretamente na ciclagem biogeoquímica e de crescimento das plantas, principalmente em sistemas estáveis (Keister & Gregan, 1990; Yoshitomi & Shann, 2001).

Diversidade microbiana é um termo geral utilizado para incluir diversidade genética, ou seja, a quantidade e a distribuição de informações genéticas dentro das espécies microbianas. A diversidade microbiana pode ser medida de várias maneiras, tais como as técnicas tradicionais de enumeração de células viáveis, contagem em placas (Backken, 1997), bem como os métodos mais recentes baseados em ácidos nucleicos e análise de ácidos graxos (Johnsen et al., 2001).

A composição da microbiota, em termos de abundância relativa de grupos específicos de microrganismos predominantes no solo de cerrado brasileiro, após sua conversão por atividades antrópicas, ainda é pouco estudada. Os resultados preliminares apresentados fazem parte de um estudo mais amplo, com diferentes metodologias para caracterizar a composição, estrutura e função de comunidade microbianas em solo de cerrado, sob cobertura de longo prazo.

O objetivo deste trabalho foi quantificar as populações e a abundância relativa de grupos funcionais de microrganismos em seis agroecossistemas de longo prazo, em função da profundidade e avaliar sua validade como indicadores de qualidade biológica do solo.

MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi conduzido na Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. O clima local é quente úmido, com estação seca e chuvosa bem definida. A temperatura média e amplitude térmica anuais de 22,1 e 5 °C, respectivamente, sendo a temperatura média do mês mais frio acima de 18 °C, e a precipitação anual em torno de 1350 mm. O solo utilizado é classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distrófico, fase cerrado. As amostras de solo foram coletadas em seis ecossistemas: cerrado natural, eucalipto, pinus, com mais de 30 anos, plantio direto1 (PD1), PD2 e plantio convencional; em quatro profundidades (0-10, 10-20, 20-40 e 40-80 cm). Para a contagem, cinco gramas de solo foram suspendidas em 45 ml de solução salina esterilizada (0,85%) e agitadas por 60 minutos. Após esse período, diluídas através de diluições seriadas decimais. Alíquotas de 100 µl de cada diluição, em duplicata, foram plaqueadas em meios específicos. O número de células viáveis (UFC/ml), de bactérias, actinomicetos e fungos, foi determinado em meio ágar-batata, L-asparagina e Martin, respectivamente. As amostras foram comparadas estatisticamente, considerando-se um delineamento experimental de blocos casualizados com parcelas subdivididas, com três repetições.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variâncias mostraram diferenças significativas ($p < 0,05$) entre os ecossistemas testados para avaliação quantitativa dos grupos funcionais fungos e bactérias. Não se observaram diferenças para actinomicetos entre sítios. Os resultados, para composição quantitativa de bactérias heterotróficas totais, independente das profundidades, estão

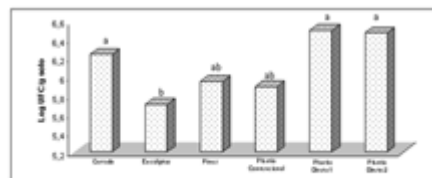


Figura 1. População de bactérias em solo de cerrado em função de seis sistemas de cobertura vegetal. Valores médios de quatro profundidades

Figura 1. População de bactérias em solo de cerrado em função de seis sistemas de cobertura vegetal. Valores médios de quatro profundidades

apresentado na Figura 1. Observou-se que a população de bactérias foi superior nos ecossistemas (tratamentos) PD1 e PD2 e cerrado natural, não diferindo entre si, quando comparada com a do ecossistema eucalipto. Os ecossistemas pinus e plantio convencional ocuparam posição intermediárias. Esses dados mostram alteração na população bacteriana em função de atividades antrópicas no cerrado, em função da conversão de sua vegetação natural em outros tipos de cobertura vegetal. Entretanto, como o estabelecimento do PD foi efetuado em áreas anteriormente ocupada com sistema de plantio convencional, os dados indicam uma recuperação do nível da população bacteriana observada no sistema natural com o plantio direto. Nesse caso, a composição quantitativa de bactéria mostrou-se adequada para se monitorar as alterações das comunidades microbianas do solo em função do distúrbio do ecossistema de cerrado.

As populações de fungos e de actinomicetos foram menos sensíveis para se detectar diferenças entre os tipos de cobertura, ecossistemas, quando se efetuam as comparações, independente das profundidades. Entretanto, a comunidade fúngica foi mais abundante no ecossistema pinus que no cerrado natural. Esse fato indica a importância desses microrganismos como decompositores primários neste ecossistema com *litter* de lenta decomposição.

Independente da cobertura vegetal, houve influência significativa ($p < 0,05$) da profundidades sobre os três grupos de microrganismos analisados, sendo encontrada maiores populações na camada superficial, camada 0-10 cm, e menor na camada 40-80 cm. A Figura 2

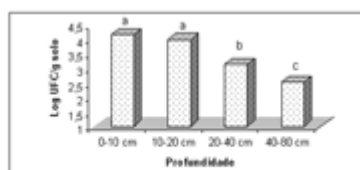


Figura 2. População de fungos no solo de cerrado em função da profundidade.

mostra uma redução da população de fungos (UFC g^{-1} solo) com o aumento da profundidade, à semelhança do encontrado para as populações de bactérias e de actinomicetos.

Em relação a composição qualitativa, analisada através das relações entre os três grupos de microrganismos avaliados, os resultados não foram muito diferentes dos observados para a composição quantitativa. Observaram-se diferenças significativas ($p < 0,05$) para as relações entre os grupos de microrganismos. A abundância relativa de bactérias foi superior no ecossistema PD2, em relação a população de fungos (pop de bactéria/ pop fungos)

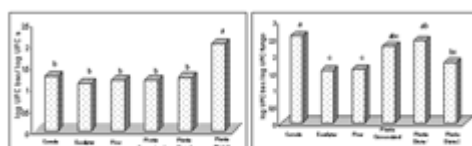


Figura 3. Razão entre população de bactérias (bact) e actinomicetos (act) em seis ecossistemas. Valores médios de quatro profundidades e três repetições.

Figura 4. Razão entre população de bactérias (bact) e fungos em seis ecossistemas. Valores médios de quatro profundidades e quatro repetições.

e não diferiu entre os demais ecossistemas (Figura 3) diferente do observado em relação a população de fungos. Neste caso, a abundância relativa de bactérias foi superior no cerrado natural e menor no pinus (Figura 4), indicando alteração na estrutura das comunidades microbianas em função da cobertura vegetal. A relação actinomiceto/fungo foi mais elevada no ecossistema cerrado e menor no ecossistema PD2 (Figura 5). Em relação aos efeitos da profundidade, observou-se que a abundância relativa de bactéria aumenta com a profundidade, independente dos ecossistemas. O estímulo diferenciado dos seis ecossistemas sobre a composição quantitativa dos microrganismos reflete diferenças na quantidade ou qualidade de compostos orgânicos liberados na rizosfera dessas plantas. Modificações do tamanho e da composição de populações microbianas, como uma consequência de alterações

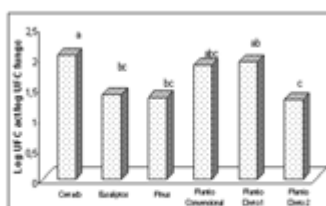


Figura 5. Razão entre população de actinomiceto (act) e fungos em seis ecossistemas. Valores médios quatro profundidades e de três repetições.

dos substratos disponibilizados, tem sido relatadas (Benizri et al., 2002; Grayston et al., 1998; Schorth & Weinhold, 1986).

Zinn et al. (2002) avaliaram liter e teor de carbono orgânico do solo sob vegetação de cerrado natural e reflorestamento de eucalipto e pinus, sobre um solo argiloso no cerrado brasileiro, e verificaram maior acúmulo de liter na floresta de pinus e maior teor de carbono orgânico no solo sob cerrado natural em relação aos demais ecossistemas. As bactérias presentes no solo são em sua maioria heterotróficas e em um ambiente rico em carbono orgânico esta população desenvolve-se com maior rapidez, explicando a maior densidade de bactérias encontradas sob o cerrado natural e nos dois sistemas de plantio direto. Em floresta de pinus o grande acúmulo de liter no solo é devido a difícil decomposição dos acúleos dessa espécie de planta, o que favorece mais populações que atuam na decomposição primária, sendo esta relacionada, principalmente, com a população de fungos (Zinn et al, 2002), como observado neste trabalho.

CONCLUSÃO

Pode-se concluir que: (i) a composição quantitativa e qualitativa de bactérias, fungos e actinomicetos variou em função dos diferentes ecossistemas no cerrado; (ii) houve maior população de bactérias no ecossistema cerrado natural e de fungos no pinus, em relação aos demais sítios; (iii) Observou-se redução da microbiota do solo com o aumento da profundidade, independente dos ecossistemas e, (iv) a população de bactérias comportou-se como melhor indicador para monitorar qualidade biológica do solo.

LITERATURA CITADA

BAKKEN, L.R. Culturable and monoculturable bacteria in soil. In: Modern Soil Microbiology (eds J.D. van Elsas, J.T. Trevors & E.M.H. Welington), pp.47-61. Marcel dekker, Ney York.

- BARGETT, R.D.; SHINE, A. Linkage between plant litter diversity, soil microbial biomass and ecosystem function in temperate grasslands. *Soil Biology and Biochemistry*, 31: 317-321. 1999.
- BENIZRI, E.; DESOURGE, O.; DIBATTISTA-LEBOEUF, C.; PIUTTI S.; NGUYEN, C.; GUCKERT. A Effect of maize rhizodeposits on soil microbial community structure. *Applied Soil Ecology*. 21: 261-265, 2002.
- CURL, E. A.; TRUELOVE, B. 1986. *The Rhizosphere*. Springer-Verlag, New York.
- GRAYSTON, S. J.; WANG, S.; CAMPBELL, C. D.; EDWARDS, A. C. Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere. *Soil Biol. Biochem.* 30, 369- 378, 1998.
- JOHNSEN, K., JACOBSEN, C.S., TORSVIC, V., SORENSEN, J. Pesticide effects on bacterial diversity in agricultural soils- a review. *Biology and fertility of Soil*, 33:155-162. 2001.
- KEISTER, D. L.; GREGAN, P. B. 1991. *The Rhizosphere and Plant Growth*. Beltsville Symposia in Agricultural Research, Vol. 14. Kluwer Academic Press, Boston.
- LYNCH, J. M.; WHIPPS, J. M. Substrate flow in the rhizosphere. *Plant Soil* 129: 1-10. 1990.
- NANNIPIERI, P., ASCHER, J., CEVVHERRINI, M.T., LAND, L., PIETRAMELLARA, G., RENELLA, G. Microbial diversity and soil functions. *European J. of Soil Science*, 54: 655-670. 2003.
- ODHAM G.; TUNLID A.; VALEUR A.; SUNDIN P.; WHITE D. C. Model system for studies of microbial dynamics at exuding surfaces such as the rhizosphere. *Appl. Environ. Microbiol.* 52, 191-196, 1986.
- SCHORTH M. N.; WEINHOLD A. R. Root-colonizing bacteria and plant health. *Hort. Sci.* 21, 6, 1295-1298, 1986.
- STEPHAN, A., MEYER, A.H., SHIMID, B. Plant diversity affects culturable soil bacteria in experimental grassland communities. *Journal of Ecology* 88:988-999. 2000
- YOSHITOMI, K. J.; SHANN, J. R. Corn (*Zea mays* L.) root exudates and their impacts on 14C-pyrene mineralization. *Soil Biol. Biochem.* 33, 1769-1776. 2001.
- ZAK, D.R., HOLMES, W.E., WHITE, D.C., Peacock, A.D., Tilman, D. Plant diversity, soil microbial communities, and ecosystem function: are there any link? *Ecology*, 84(8): 2042-2050. 2003.
- ZINN, Y.L., RESCK, D.V.S., SILVA, J. E.. Soil organic carbon as affected by afforestation with *Eucalyptus* and *Pinus* in the *Cerrado* region of Brazil. *Forest Ecology and Management* 166, 285-294p., 2002.

