

Estrutura da Comunidade Microbiana de Solo sob Pastagem e Caatinga em Região Semiárida

Emanoel Lima Martins⁽¹⁾; Marcelo Ferreira Fernandes⁽²⁾; Ignacio Hernan Salcedo⁽³⁾; Vânia da Silva Fraga⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Doutorando do Programa de Pós Graduação em Ciência do Solo; Universidade Federal da Paraíba; Areia. Paraíba; (emanoelmartinss@gmail.com); ⁽²⁾ Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; ⁽³⁾ Professor Visitante; Universidade Federal da Paraíba; ⁽⁴⁾ Professor Adjunto da Universidade Federal da Paraíba.

RESUMO: A comunidade microbiana do solo (CMS) é o principal responsável pela manutenção da fertilidade nos solos das regiões semiáridas, nesse sentido foi realizada a caracterização da estrutura da comunidade microbiana do solo sob diferentes coberturas vegetais através de análise de perfis de ácidos graxos (EL-FAME). Foram estudadas duas áreas de solo sob pastagem e duas áreas sob caatinga, nas quais foram realizadas coletas de solo na estação chuvosa e na estação seca. Quando comparada a CMS entre as estações seca e chuvosa houve diferença significativa entre as áreas estudadas, verificando-se claramente o efeito sazonal da comunidade microbiana. Quando comparadas as vegetações entre si nas estações de seca e chuva encontrou-se diferenças significativas apenas entre as áreas de caatinga e pastagem, porém dentre as subdivisões das áreas em alguns casos não houveram diferenças, verificando a forte influência das variáveis ambientais, temperatura e umidade do solo na estrutura da CMS.

Termos de indexação: Disponibilidade de água, ácidos graxos, fosfolipídios.

INTRODUÇÃO

A caatinga é o principal bioma da região nordeste, ocupando uma área de 982.6 km² (Angelotti, 2009). Embora se caracterize por grande irregularidade pluviométrica com longos períodos de estiagem e altas temperaturas, apresenta uma diversidade maior que qualquer outro bioma em condições semelhantes (Brasil, 2002). Porém devido ao mal uso dos recursos naturais, encontra-se em avançado processo de degradação o que afeta diretamente a fertilidade do solo mantida pela decomposição e mineralização da folhagem depositada no solo, afetada diretamente pela microbiota do solo (Souto, 2006)

Nesse sentido, a conservação do bioma é um grande desafio devido à escassez de informações sobre sua diversidade, principalmente microbiológica e a estrutura da comunidade microbiana do solo, que de acordo com Moore-Kucera e Dick (2008) está associada com a produtividade do ecossistema, sendo as

comunidades microbianas fundamentais para a qualidade do solo e seu funcionamento devido ao seu envolvimento nos processos de decomposição, ciclagem de nutrientes e na dinâmica da matéria orgânica. Dessa forma, ao se caracterizar a diversidade microbiana, pode-se compreender melhor as funções e a capacidade de resiliência do ecossistema (Nannipieri et al., 2003).

Portanto, o objetivo desse trabalho foi caracterizar a estrutura da comunidade microbiana do solo sob diferentes situações em região semiárida.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado em área experimental da Fazenda Pendências, 7° 10' 34" S e 36° 27' 33" O, pertencente à Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba S.A. (Emepa), Soledade, PB, situada na mesorregião da Borborema, microrregião do Cariri ocidental, região semiárida da Paraíba.

O clima da região é classificado como Bsh Koppen, semiárido quente, com estação seca que compreende de 7 a 9 meses do ano, com período chuvoso compreendido entre os meses de março e julho e com chuvas de verão com precipitação média anual de 350 a 600 mm, temperatura média de 30°C e umidade relativa do ar média de 68%.

O solo se caracteriza como pouco profundo, de drenagem moderada a imperfeita, apresentando casos de excessiva pedregosidade, relevo plano a suavemente ondulado, classificado como Planossolo Nátrico Ortico Típico.

A área experimental foi composta por quatro áreas, sendo duas de pastagem e duas de caatinga. As áreas de pastagem foram identificadas de acordo com a posição no relevo em pastagem alta (PA) localizada no topo e pastagem baixa (PB) localizada no pedimento da topossequência. As áreas de caatinga foram divididas de acordo com o tipo e densidade da vegetação, em caatinga arbustiva (CA) e caatinga arbórea (CF).

Foi realizada amostragem do solo a profundidade de 0 – 5 cm nos três meses mais chuvosos e mais

secos, na qual foi realizada análise de perfis de ácidos graxos da comunidade microbiana do solo de acordo com o método descrito por Fernandes & Chaer (2010) adaptado de Schutter & Dick (2000) e que quantifica os lipídios de ligações ésteres associados a ácidos graxos (EL-FAME) que se caracteriza como um método de extração direta de ácidos graxos do solo que consiste na utilização da reação de metanólise alcalina branda diretamente na amostra de solo.

O experimento foi desenvolvido em delineamento inteiramente casualizado em esquema de parcelas subdivididas, os dados foram analisados por procedimentos multivariados ordenados por escalonamento multidimensional não métrico (NMS) e testados por procedimentos de permutação multiresposta (MRPP) através do programa PC-ORD (McCune & Grace, 2002)).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Quando comparada a relação entre a estrutura das comunidade microbiana nas épocas de estudo (Fig. 1) encontrou-se diferença significativa na comunidade microbiana do solo entre as estações chuvosa e seca, verificando-se claramente o efeito sazonal da comunidade microbiana, o que provavelmente está relacionado a disponibilidade de água no perfil do solo, que é considerado um fator limitante ao desenvolvimento microbiano no solo. Outros autores verificaram diferenças significativas entre a estação chuvosa e a estação seca, indicando comportamento sazonal da comunidade microbiana, a exemplo de Moore-Kucera & Dick (2008) que constataram efeito significativo da comunidade microbiana do solo, estudando o efeito de corte raso da vegetação sobre a estrutura da comunidade microbiana do solo em uma cronosequência de base sazonal.

Quando comparou-se (Figura 2a) a comunidade microbiana entre áreas de estudo, encontrou-se diferença significativa entre as áreas de pastagem e caatinga, porém quando comparadas as duas áreas de pastagem e as áreas de caatinga entre si não houve diferença significativa, o que provavelmente está associado ao conteúdo de água no solo que possibilita uma condição ideal ao desenvolvimento da microbiota do solo. O que pode ser verificado quando se observa o comportamento da comunidade microbiana na estação seca (Figura 2b) na qual não foi encontrado diferença significativa entre as áreas de caatinga e a área de pastagem alta, porém a pastagem baixa apresentou diferença das demais áreas por estar localizada no relevo

menor possibilitando retenção de água no perfil do solo por maior período o que provê condições ideais para a microbiota do solo durante um maior tempo.

Quando se comparou a comunidade microbiana das áreas de caatinga e pastagem nas épocas de seca e de chuva, (Figura 2), houve diferença significativa entre a estação chuvosa e a estação seca, evidenciando o efeito sazonal da comunidade microbiana.

Na análise de correlação entre a estrutura da comunidade microbiana e variáveis climáticas do mês anterior a coleta das amostras (Tab. 1), verificou-se que as variáveis umidade do solo, temperatura ambiente e precipitação foram significativamente ($p < 0,01$) correlacionadas com o comportamento da comunidade microbiana, em direção a estação chuvosa, fato este que enaltece a afirmativa de que a comunidade microbiana do solo possui efeito sazonal em ambiente semiárido.

Tabela 1. Coeficientes de correlação entre as variáveis climáticas relativas ao mês antecedente à coleta das amostras e os escores das amostras de solo nos eixos da ordenação por NMS

Biomarcadores	Coeficiente de Correlação (r)	
	Eixo 1	Eixo 2
Umidade do solo	-0,238*	0,176 ^{ns}
Temperatura	-0,342**	-0,045 ^{ns}
Precipitação	-0,564***	0,100 ^{ns}

De acordo com Silveira e Freitas (2007), os fatores ambientais como temperatura ambiente, umidade do solo, precipitação e radiação solar são diretamente responsáveis pelo desenvolvimento da microbiota do solo, influenciando diretamente à atividade microbiológica no solo e de acordo com o tipo de vegetação, determina as comunidades microbianas que potencialmente estarão presentes ou ausentes no local, podendo ainda estar relacionados as porcentagens de cada grupo microbiano.

O biomarcador 16:1 ω 5c (FMA) aumentou significativamente em direção a estação seca o que não condiz com o comportamento característico de fungos micorrízico, que segundo Cavalcante et al (2009) são biotróficos obrigatórios, sendo estritamente dependentes de um hospedeiro ativo com o qual consiga estabelecer relação simbiótica. Fato este que pode estar associado a quantificação de material de reserva durante a extração dos FAMES.

O biomarcador 16:0 10Me (actinomicetos) apresentou maior ocorrência na área de caatinga fechada seguida da caatinga aberta que não diferiu das áreas de pastagens o que pode estar



relacionado com o teor de umidade do solo. Os marcadores 16:0i e 17:0i (bactérias gram +), 17:0cy e 19:0cy (Gram -) tiveram maior ocorrência nas áreas de caatinga, enquanto apenas o 16:1w 5c (FMA), 16:1w7c (Gram -) tiveram maior ocorrência nas pastagens. Quirino et al. (2009) estudando solos de Cerrado nativo e sob pastagens encontrou maior predominância do grupo α -proteobactérias seguido de acidobactérias e actinobactérias em solo de área nativa, no mesmo estudo a conversão para pastagens alterou a dominância dos grupos mais abundantes no solo sendo a predominância das seqüências pertencentes ao grupo actinobactérias seguido de acidobactérias e α -proteobactérias. Bossio et al. (2005) pela técnica de PLFA identificou maior abundância de fungos e de bactérias gram-negativas em solos de floresta e de áreas reflorestadas de regiões de clima tropical. A conversão deste tipo de solo em uma área agrícola indicou altos níveis de actinomicetos e bactérias gram-positivas.

CONCLUSÕES

A estrutura da comunidade microbiana do solo é alterada pelo relevo na pastagem e o densidade da vegetação na caatinga e mostra correlação significativa com variáveis ambientais: umidade do solo, temperatura e precipitação, interferindo na microbiota ao longo do ano.

As maiores concentrações de marcadores de bactérias e actinomicetos ocorrem nas áreas de caatinga, enquanto que nas pastagens há predominância de fungos e fungos micorrízicos arbusculares, independente da densidade da vegetação na caatinga e do relevo na pastagem.

AGRADECIMENTOS

A Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba (Emepa), ao PPGCS/UFPA e a CAPES pelo apoio.

REFERÊNCIAS

ANGELOTTI, F., SÁ I. B., MELO, R. F. Mudanças climáticas e desertificação no semiárido brasileiro. Petrolina, PE: Embrapa Semi-Árido; Campinas, SP: Embrapa informática Agropecuária, 2009. 295p.

BRASIL, Ministério do Meio Ambiente. Avaliações e ações prioritárias para conservação da biodiversidade da caatinga. Brasília, 2002.

CAVALCANTE, U. M. T. GOTO. B. T. MAIA, L. C. Aspectos Da Simbiose Micorrízica Arbuscular. Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica, Recife, vols. 5 e 6, p.180-208, 2008-2009.

FERNANDES, M. F.; CHAER, G. M. Análise de Perfis de Ácidos Graxos como Ferramenta para Estudos em Microbiologia do Solo. Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2010. 37 p.

McCUNE, B., GRACE, J.B.. Analysis of Ecological Communities. MjM Software Design, Gleneden Beach, Oregon, 2002.

MOORE- KUCERA, J.; DICK, R.P. PLFA profiling of microbial community structure and seasonal shifts in soils of a Douglas- fir chronosequence. Microbial Ecology, v.55, p.500- 511, 2008.

NANNIPIERI, P.; ASCHER, J.; CECCHERINI, M. T. et al. microbial diversity and soil functions. European Journal of Soil Science. Oxford. V. 54, p. 655-670, 2003.

QUIRINO, B. F.; PAPPAS, G. J. et al. Molecular phylogenetic diversity of bacteria associated with soil of the savanna-like Cerrado vegetation. Microbiological Research, v. 164, n. 1, p. 59-70, 2009.

SCHUTTER, M. E.; DICK, R. P. Comparison of fatty acid methyl ester (FAME) methods for characterizing microbial communities. Soil Science Society of America Journal, Madison, v. 64, p. 1659-1668, 2000.

SILVEIRA, A. P. D.; FREITAS, S. S. Microbiologia do solo e qualidade ambiental. Campinas: Instituto Agronomico, 2007. 312p.

SOUTO, P.C. Acumulação e decomposição da serapilheira e distribuição de organismos edáficos em área de caatinga na Paraíba, Brasil, 150 f. Tese (Doutorado em Agronomia - Solos e Nutrição de Plantas) - Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2006.

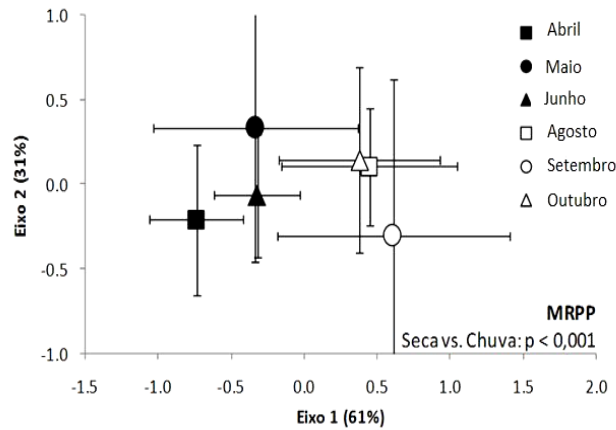


Figura 1 – Relação entre as estruturas das comunidades microbianas do solo nas diferentes vegetações durante a estação chuvosa e seca, símbolos representam os centroides das repetições sob uma mesma condição.

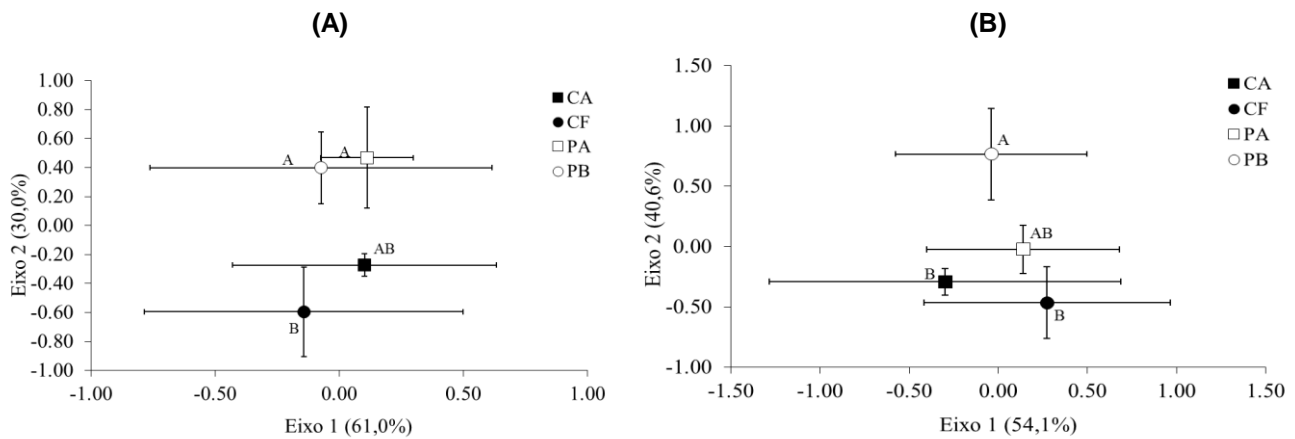


Figura 2 – Relação entre as estruturas das comunidades microbianas do solo nas diferentes vegetações na estação chuvosa (A) e na estação seca (B), símbolos representam os centroides das repetições sob uma mesma condição.

Tabela 2. Coeficientes de correlação entre as porcentagens molares de ácidos graxos biomarcadores de grupos microbianos e os escores das amostras de solo nos eixos da ordenação por NMS.

Biomarcadores	Grupos microbianos	Coeficiente de Correlação (r)			
		Estação Chuvosa		Estação Seca	
		Eixo 1	Eixo 2	Eixo 1	Eixo 2
15:0i	Bactérias Gram +	0.604 ^{ns}	0.191 ^{**}	0.692 ^{ns}	-0.717 ^{ns}
15:0a	Bactérias Gram +	0.293 ^{ns}	0.568 ^{ns}	0.685 ^{ns}	-0.704 ^{ns}
16:0i	Bactérias Gram +	0.418 ^{ns}	-0.503 ^{ns}	0.481 ^{ns}	-0.581 ^{ns}
16:1ω 7c	Bactérias Gram -	0.063 ^{***}	0.534 ^{ns}	0.369 ^{ns}	0.205 ^{**}
16:1ω 5c	FMA	-0.026 ^{***}	0.920 ^{ns}	0.478 ^{ns}	0.729 ^{ns}
16:0 10Me	Actinomicetos	0.424 ^{ns}	-0.155 ^{**}	0.277 ^{**}	-0.392 ^{ns}
17:0i	Bactérias Gram +	0.103 ^{***}	-0.698 ^{ns}	0.582 ^{ns}	-0.777 ^{ns}
17:0a	Bactérias Gram +	0.472 ^{ns}	-0.131 ^{***}	0.393 ^{ns}	-0.736 ^{ns}
17:0cy	Bactérias Gram -	0.010 ^{***}	-0.518 ^{ns}	0.682 ^{ns}	-0.696 ^{ns}
17:0	Bactérias Gram +	0.439 ^{ns}	0.046 ^{***}	0.260 ^{***}	-0.405 ^{ns}
17:0 10Me	Actinomicetos	0.601 ^{ns}	0.083 ^{***}	0.081 ^{***}	0.655 ^{ns}
18:2ω 6c	Fungos	-0.883 ^{ns}	-0.323 ^{ns}	-0.988 ^{ns}	0.064 ^{***}
19:0cy	Bactérias Gram -	-0.069 ^{***}	-0.479 ^{ns}	0.247 ^{**}	-0.513 ^{ns}