

PESQUISA/INICIAÇÃO CIENTÍFICA - PESQUISA/ INICIAÇÃO CIENTÍFICA

**IMPACTO DA AGRICULTURA TRADICIONAL NA COMUNIDADE DE
BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO DE PLANTAS**

Lucas Gimenes Costa (lucas.gimenescosta@gmail.com)

Kauanny Wictoria Plenz (kakawictoria8@gmail.com)

Eloá Martins Egea (martinsegeaeloa@gmail.com)

Maricy Raquel Lindenbah Bonfá (maricybonfa@ufgd.edu.br)

Rodrigo Matheus Pereira (rodrigopereira@ufgd.edu.br)

Este estudo investigou os efeitos da agricultura convencional na comunidade de bactérias promotoras de crescimento vegetal (PGPR) em Dourados-MS, comparando quantitativamente solo de mata nativa (MN) como controle com área de plantio convencional (PC). As PGPR, fundamentais para a saúde vegetal, atuam via mecanismos diretos (biofertilização: solubilização de fósforo, fixação biológica de nitrogênio, aquisição de nutrientes) e indiretos (biocontrole de patógenos via antibióticos e resistência sistêmica induzida, tolerância a estresses hídricos e salinos mediada por exopolissacarídeos e reguladores hormonais). Os objetivos específicos incluíram: (1) identificação e quantificação molecular de PGPR em ambas as amostras, e (2) avaliação do impacto do manejo agrícola tradicional na estrutura e funcionalidade dessa comunidade microbiana. Metodologicamente, amostras da Embrapa Agropecuária Oeste foram submetidas à extração de DNA total, sequenciamento metagenômico de alta profundidade e análise bioinformática integrada: controle de qualidade com FastQC e filtragem por Prinseq-lite, montagem de novo via IDBA-UD, predição

de ORFs com FragGeneScan, alinhamento funcional contra o banco mgPGPT (PLABase) usando Diamond, classificação taxonômica no MEGAN6 (nível de filo, gênero e espécie), e análise estatística de diferenças com STAMP (teste de proporções com $p < 0,05$). Os resultados demonstraram superioridade consistente da MN: maior abundância relativa de PGPR (51,54% vs. 48,46% no PC), riqueza taxonômica acentuada (63 filos bacterianos, incluindo 12 exclusivos, contra 53 filos com 8 exclusivos no PC; 795 gêneros vs. 614), e dominância do filo Proteobacteria (3× mais abundante na MN). Na parte funcional os efeitos diretos mostraram-se também expressivos, a biofertilização liderou nesta categoria (7.426 sequências na MN vs. 6.958 no PC), junto com biorremediação (5.890 sequências na MN vs. 5.103 no PC) e produção de fitohormônios (5.157 sequências na MN vs. 5.742 no PC), sendo este último o único que lidera no PC. Em nível de gênero, observou-se segregação funcional: *Pseudomonas* (biocontrole) predominou na MN, enquanto *Streptomyces* (adaptação a estresses abióticos) destacou-se no PC. A análise estatística confirmou diferenças significativas ($p < 1e-15$) em filos-chave como Proteobacteria, Acidobacteria e Candidatus Rokubacteria, reforçando a sensibilidade desses grupos ao manejo. Conclui-se que a agricultura convencional reduz não apenas a diversidade taxonômica, mas também a multifuncionalidade das comunidades de PGPR, comprometendo serviços ecossistêmicos críticos como promoção de crescimento, supressão de patógenos e resiliência a estresses, enquanto ecossistemas nativos preservam redes microbianas complexas e resilientes, essenciais para a sustentabilidade agrônômica em longo prazo.

AGRADECIMENTOS: à Fundect, CAPES, CNPq e UFGD

Palavras-chave: metagenômica; bioinformática; pgpr.