

Seleção de microrganismos com potencial de degradar sulfentrazone (Boral)

Yamanaka, C. Y. S.¹; Monteiro, Y. C. R.²; Pereira, M. C.³

¹Universidade de Brasília (UnB) - *Campus* Universitário Darcy Ribeiro, Brasília-DF

² Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Pampulha, Belo Horizonte-MG

³Universidade Federal de Viçosa - *Campus* Rio Paranaíba, km 7 - Zona Rural, MG-230, Rio Paranaíba-MG

E-mail: yamanaka.carolineyuri@gmail.com

Resumo: O Brasil é um dos principais produtores de grãos do mundo, com a safra 2024/25 estimada em 345,2 milhões de toneladas, em que destacam-se o milho e a soja. Considerando a produção agrícola em larga escala, o uso de herbicidas é adotado para evitar problemas no cultivo, o que acarreta em impactos na qualidade do solo. No caso da soja há, por exemplo, a aplicação do sulfentrazone, um herbicida seletivo, pré-emergente. Dessa forma, o objetivo geral deste trabalho foi verificar o impacto do sulfentrazone sobre a microbiota do solo e selecionar microrganismos com potencial de degradação do herbicida. A amostragem foi realizada em ambientes com e sem a aplicação do agrotóxico, em amostras compostas partindo de 0-20cm de profundidade. O solo coletado foi utilizado em análise de respiração e também para diluição seriada para o foco de seleção de microrganismos com metabolismo adaptado para a sobrevivência em ambientes contaminados. As Unidades Formadoras de Colônia por grama de solo (UFC/g) das bactéria e fungos foram determinadas em meio Batata-Dextrose-Ágar (Kasvi) e o número de células por grama de solo (Cel/g) de bactérias fixadoras de nitrogênio foi determinado pelo método do Número Mais Provável em meio LGI, com e sem sulfentrazone. Microrganismos tolerantes ao herbicida foram isolados dos meios contendo sulfentrazone e, posteriormente, caracterizados morfológicamente. Para identificação dos microrganismos, isolados representativos foram submetidos a extrações de DNA, seguida da amplificação e sequenciamento das regiões ITS fúngica e 16S bacteriana, que foram comparadas com sequências das plataformas NCBI e Unite. Os dados obtidos foram submetidos à análise estatística no *Speed Stat Spreadsheet* v.3.0. Os solos com e sem sulfentrazone não apresentaram diferença na taxa respiratória, indicando adaptação da comunidade ao herbicida e que a principal característica de interferência na atividade são aspectos físico-químicos do solo, que são associados ao tipo de solo. A abundância dos microrganismos foi impactada principalmente na quantificação de grupos funcionais, quando realizado a comparação entre meios com a aplicação de herbicida e sem. Ao comparar os resultados obtidos das colônias de bactéria em placas e visualizar o resultado obtido para bactérias fixadoras de nitrogênio essa hipótese é corroborada. Dessa forma, o herbicida atua restringindo o crescimento de alguns microrganismos do solo, mas pelo mesmo possuir alta diversidade as diferenças não se apresentam significativas; contudo, ao comparar a aplicação restrita a grupos

funcionais que por sua vez tem menor diversidade o impacto gerado é significativo. Os microrganismos *Penicillium* sp. *Trichoderma* sp. *Enterobacteriaceae*, *Talaromyces* sp., *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* e *Pseudomonas* sp., foram isolados em meios com adição de sulfentrazone, os quais podem conter em seu metabolismo enzimas capazes de degradar o herbicida. É importante ressaltar que *Trichoderma* sp. foi encontrado em todos os ambientes da amostragem, e isso se deve possivelmente à sua adaptabilidade e variedade de interações ecológicas que estabelece.

Palavras-chave: Herbicida; Solos degradados; Biorremediação; Fungos; Bactérias.