

Revista Brasileira de Ciências Agrárias

ISSN: 1981-1160

agrarias.prppg@ufrpe.br

Universidade Federal Rural de

Pernambuco

Brasil

Melloni, Rogério; Magno dos Reis Ferreira, Gustavo; Vilela Costa, Carolina; Amoeiro

Vincent, Bárbara; Marques, Paulo Sergio; Parenti de Souza, Suemis Maria

O cultivo de milho transgênico Bt e seus impactos na microbiota do solo

Revista Brasileira de Ciências Agrárias, vol. 11, núm. 3, 2016, pp. 198-203

Universidade Federal Rural de Pernambuco

Pernambuco, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=119047705008>

- ▶ Como citar este artigo
- ▶ Número completo
- ▶ Mais artigos
- ▶ Home da revista no Redalyc

O cultivo de milho transgênico Bt e seus impactos na microbiota do solo

Rogério Melloni¹, Gustavo Magno dos Reis Ferreira², Carolina Vilela Costa¹,
Bárbara Amoeiro Vinent¹, Paulo Sergio Marques¹, Suemis Maria Parenti de Souza²

¹ Universidade Federal de Itajubá, Instituto de Recursos Naturais, Av. BPS, 1303, Pinheirinho, CEP 37500-903, Itajubá-MG, Brasil. Caixa Postal 50. E-mail: rogerio.melloni@gmail.com; carolina.vilelacosta@hotmail.com; barbara.vinent@yahoo.com.br; marquespaulo@unifei.edu.br

² Universidade Federal de Lavras, Programa de Pós-Graduação em Microbiologia Agrícola, Campus Universitário, CEP 37200-000, Lavras-MG, Brasil. Caixa Postal 3037. E-mail: gustavo_mrf@yahoo.com.br; su_nutripa@yahoo.com.br

RESUMO

A participação do milho transgênico Bt no sistema produtivo brasileiro é considerável em relação às culturas tradicionais. Entretanto, pouco se sabe sobre o efeito dessas culturas nos atributos microbiológicos do solo. O objetivo do trabalho foi avaliar o efeito da cultura de milho Bt sobre a microbiota, em diferentes tipos de solo. Para isso, foi instalado um experimento em casa de vegetação sob delineamento inteiramente casualizado, fatorial 3x2, utilizando três tipos de horizontes A (húmico, moderado e proeminente) e duas cultivares de milho transgênico Bt e não transgênico, com 6 repetições por tratamento. Foram analisadas a massa seca da parte aérea e da raiz, densidade total de bactérias, fungos, celulolíticos, amonificantes, solubilizadores de P, carbono da biomassa, atividade microbiana, quociente metabólico, comprimento de micélio extraradicular total, porcentagem e intensidade de colonização micorrízica e número total de esporos de fungos micorrízicos arbusculares (FMA). Os resultados mostraram baixo efeito do milho transgênico Bt, exceto para densidade de bactérias e comprimento de micélio extrarradicular de FMA, com redução e aumento respectivamente, e significativos efeitos dos diferentes tipos de solo na microbiota e seus processos.

Palavras-chave: microrganismos do solo, planta geneticamente modificada, *Zea mays*

The cultivation of Bt corn and its impacts on soil microbiota

ABSTRACT

The participation of transgenic Bt corn in the Brazilian production system is considerable compared to traditional cultures. However, little is known about the effect of this crop in microbial properties of soil. The aim of this work was to evaluate, the effect of Bt corn on the microbiota in different types of soils. For this, an experiment was conducted in a greenhouse in a completely randomized factorial design (3x2) using of three types of A horizon (Brown Oxisol, Yellow Argisol, and Red Yellow Argisol) and two types of corn Bt transgenic and non-transgenic, with 6 replicates per treatment. They were analyzed dry weight of shoot and root dry matter, total density of bacteria, fungi, cellulolytic, ammonifiers, P solubilizing, microbial biomass carbon, microbial activity, quotient metabolic, total extraradical mycelium length, percentage and intensity of mycorrhizal colonization and total number of spores of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF). The results showed low effect of Bt transgenic corn, except for density of bacteria and total extraradical mycelium length of the AMF, with decrease and increase respectively, and significant effects of different soil types on soil microbiota and its processes.

Key words: soil microorganisms, genetically modified plant, *Zea mays*

Introdução

Organismos geneticamente modificados (OGM) são utilizados na agricultura mundial desde meados da década de 90, apresentando diversos benefícios ambientais, econômicos e para a saúde, sendo que as principais cultivares transgênicas cultivadas no Brasil são soja, milho e algodão, com uma área de 42,2 milhões de hectares de plantio (James, 2014).

Segundo dados do CONAB (2016) foram cultivados no Brasil, aproximadamente 82 mil toneladas de milho, sendo que cerca de 50% dessa produção são cultivares transgênicos, incluindo Bt, a qual foi transformada pela incorporação de um gene da bactéria *Bacillus thuringiensis* (Bt) que confere resistência a insetos da ordem lepidóptera (Bobrowski et al., 2003).

Em um sistema de agricultura moderna, há de se evidenciar o aspecto favorável do cultivo de OGMs, principalmente relacionado à redução de defensivos agrícolas. Entretanto, Siqueira et al. (2004) ponderam que o uso prolongado de agrotóxicos, bem como das próprias cultivares Bt, podem favorecer a resistência a doenças e pragas e a poluição ambiental, aspectos considerados inerentes a qualquer tipo de cultivo, além de riscos de fluxo de genes, impactos econômicos e difusão das proteínas Bt pelo solo e água, podendo afetar organismos não alvos (Devare et al., 2007; Liu et al., 2016). Com o avanço de tecnologias de engenharia genética e a adoção de culturas de OGMs em escala global, surgem questões dos efeitos em curto e longo prazo sobre os organismos não-alvos dessas modificações, principalmente sobre FMAs, os quais podem ser negativamente afetados (Cheeke et al., 2014).

Embora a capacidade de transferência horizontal de genes de plantas geneticamente modificadas para microrganismos seja um evento de difícil comprovação, há uma real preocupação dessa transferência, ao que se diz respeito, principalmente, a genes de resistência a antibióticos. O gene *nptII* que confere resistência à canamicina, em conjunto ao gene Bt, são a transgenias mais comuns utilizados na agricultura moderna (Araújo et al., 2008).

Em culturas de milho Bt, a produção da toxina inseticida se dá de forma contínua no vegetal, garantindo, assim, uma redução dos problemas causados pela adição de agrotóxicos, sendo essas proteínas, derivadas dos genes da bactéria *Bacillus thuringiensis* (Bt) (Azevedo & Araújo, 2003). Entretanto, essas proteínas podem ser liberadas no solo e água via exsudatos, grãos de pólen ou mesmo pela degradação da matéria orgânica (Liu et al., 2016), podendo ser encontradas nos microrganismos, ou retidas em partículas ativas do solo, dificultando a sua biodegradação (Saxena & Stotzky, 2001). Podem, ainda, afetar a macrofauna do solo, como demonstrado por Stephens et al. (2012), em estudos com coleópteros benéficos ao solo, onde foi observado efeito negativo do cultivo com o milho Bt (Cry3Bb), após um período de 3 anos. Entretanto, em curto prazo, Devare et al. (2007) demonstraram que o genótipo Bt (Cry3Bb) não apresentou efeito negativo em atributos microbiológicos e bioquímicos do solo, quando comparadas ao milho convencional.

Não havendo ainda um entendimento de como as culturas transgênicas possam afetar a microbiota do solo, alguns

trabalhos especificamente relacionados a FMAs divergem quanto aos resultados, conforme exemplos reportados a seguir. Cheeke et al. (2012) observaram uma redução na colonização radicular de linhagens de milho Bt, sendo esse um efeito adverso da transgenia. No entanto, Cheeke et al. (2014) não observaram efeito Bt na colonização radicular, mas demonstraram que a longo prazo houve evidências de que a transgenia pode levar a uma redução do número de esporos no solo, o que comprometeria o potencial de formação de novas simbiose.

Assim como as interações com FMAs, outros atributos microbiológicos do solo também são de grande importância para manutenção do ecossistema rizosférico, e sua avaliação, juntamente com atributos físicos e químicos, são eficientes indicadores da qualidade ambiental (Melloni et al., 2008), apresentando potencial para utilização em planos de manejo em cultivos transgênicos.

A interação entre plantas geneticamente modificadas com os microrganismos do solo pode variar de acordo com o gene introduzido na planta, uma vez que a expressão desse gene, bem como a interação com outros genes, é que pode afetar efetivamente os microrganismos. Entretanto, toda forma de agricultura apresenta certo nível de impacto ao meio ambiente, sendo necessário considerar o desenvolvimento de práticas que visem à sustentabilidade do sistema agronômico, independentemente da utilização de tecnologias de recombinação de DNA (Azevedo & Araújo, 2003).

Assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar o efeito do cultivo de milho transgênico (Bt) e não-transgênico sobre a microbiota e seus processos, em diferentes tipos de horizontes A (húmico, proeminente e moderado), no sul de Minas Gerais.

Material e Métodos

O estudo foi desenvolvido em casa de vegetação, com experimento instalado sob delineamento inteiramente casualizado, organizado em esquema fatorial 3x2, sendo 3 tipos de horizontes A oriundos dos solos Latossolo Bruno distrófico húmico (LBd); Argissolo Amarelo eutrófico típico A proeminente e Argissolo Vermelho Amarelo distrófico latossólico A moderado, e 2 cultivares de milho Monsanto DKB-390 (Bt) e DKB-S (não transgênico), com 6 repetições por tratamento, totalizando 36 unidades experimentais. As amostras de solo foram peneiradas em malha de 4 mm, compondo o substrato para o crescimento do milho em vasos de 2 L, com acidez e fertilidade não corrigidas.

As sementes de milho, previamente tratadas e prontas comercialmente para semeadura, foram desinfestadas utilizando álcool 98% por 10 s e, posteriormente, em hipoclorito de sódio 1%, por 3 min, antes da lavagem abundante em água esterilizada. As sementes desinfestadas foram semeadas em número de quatro por vaso, com posterior desbaste para apenas duas plantas por vaso.

Os resultados da caracterização química e física dos substratos encontram-se nas Tabelas 1 e 2, respectivamente.

O crescimento das plantas foi acompanhado durante 103 dias, mantendo-se a umidade dos vasos em torno de 60 % da capacidade de campo. A coleta das plantas foi feita, separando-

se a parte radicular da parte aérea, encaminhando-se, em seguida, para secagem em estufa de circulação forçada de ar a 60°C até massa constante.

Para analisar os fungos presentes nas raízes, avaliaram-se a porcentagem de colonização radicular por meio de placa concêntrica (Giovanetti & Mosse, 1980) e intensidade de colonização radicular por análise de segmentos de raízes (Bethlenfalvay et al., 1981). A densidade de esporos de FMAs foi realizada por meio da metodologia de peneiramento úmido proposta por Gerdemann & Nicolson (1963) e o comprimento de micélio extraradicular total quantificado nas amostras do solo como proposto por Melloni & Cardoso (1999).

Os valores de densidade de fungos e bactérias totais, microrganismos amonificantes, celulolíticos e solubilizadores de fosfato, foram obtidos conforme metodologias descritas em Melloni et al. (2001). O carbono da biomassa microbiana (BM-C) foi quantificado pelo método da irradiação/incubação, utilizando fator de conversão Kc de 0,45 (Ferreira et al., 1999) e a atividade microbiana (respiração basal) pela determinação do CO₂ produzido por unidade de amostra de solo em um tempo específico (Anderson, 1982), assim como o quociente metabólico (*qCO₂*) obtido pela relação entre atividade microbiana e carbono da biomassa microbiana.

Todos os dados foram submetidos ao teste de normalidade de Shapiro-Wilk ($\alpha=0,05$). Somente os dados dos atributos densidade total de fungos e bactérias, solubilizadores de fosfato, celulolíticos, amonificadores, carbono da biomassa microbiana e atividade microbiana foram transformados em log x, enquanto os de intensidade e porcentagem de colonização radicular foram transformados em arco seno de raiz de $x/100$. Posteriormente, realizou-se a análise de variância (ANOVA) e comparações de médias pelo teste Tukey ($p<0,05$) utilizando-se o software Sisvar. Para a análise de componentes principais (PCA) de todos os dados foi utilizado o software PC-ORD 3.12.

Resultados e Discussão

Houve interação significativa ($p<0,05$) entre os fatores horizontes de solo e cultivares de milho somente para massa da matéria seca da parte aérea (MSPA), massa da matéria seca da raiz (MSR), carbono da biomassa microbiana (CBM) e quociente metabólico (*qCO₂*), cujos resultados encontram-se na Tabela 3.

Tabela 1. Caracterização química das amostras de solo nos diferentes tipos de horizonte A

Horizontes	pH H ₂ O*	pH KCl	Ca	Mg	Al	H+Al	SB	CTC	m %	P	K	Prem	T	V	MOS dag kg ⁻¹
										mg dm ⁻³	%	kg dm ⁻³	%	kg dm ⁻³	
Húmico	6	4,7	2,2	0,8	0,6	9,8	3,3	3,9	15,5	2,3	0,21	5,6	13	25	37
Proeminente	6,3	4,6	3,7	0,4	0,4	7,9	4,2	4,6	8,7	0,8	0,08	15	12	35	24
Moderado	5,5	4,6	1	0,6	0,6	5,6	1,8	2,4	24,8	3,5	0,22	15,9	7,5	24	30

* pH em água, relação 2:1; Ca²⁺, Mg²⁺ e Al³⁺, extraídos por KCl 1 mol L⁻¹; P e K, extraídos por Mehlich-1; e MOS: matéria orgânica do solo, oxidada com dicromato de potássio, em meio ácido.

Tabela 2. Caracterização física das amostras de solo nos diferentes tipos de horizonte A

Horizontes	Areia dag kg ⁻¹	Silte dag kg ⁻¹	Argila dag kg ⁻¹	Relação Silte/Argila	VTP %	DS	DP	IF %
						kg dm ⁻³	kg dm ⁻³	
Húmico	509	207	284	0,73	53	1,2	2,5	89,6
Proeminente	536	281	184	1,53	58,6	1,16	2,7	70,2
Moderado	422	222	355	0,63	53,8	1,25	2,6	72,6

VTP, volume total de poros; DS, densidade do solo; DP, densidade de partículas e IF, índice de flocação.

Tabela 3. Comparação de média para os atributos massa da matéria seca da parte aérea (MSPA), da matéria seca radicular (MSR) e carbono da biomassa microbiana (CBM)

Atributos analisados	Tipos de horizontes	Transgênico Bt	Não-transgênico
MSPA (g)	Húmico	0,81 aA	0,67 bB
	Moderado	0,77 aA	0,83 aA
	Proeminente	0,81 aA	0,90 aA
MSR (g)	Húmico	0,44 aA	0,31 bA
	Moderado	0,37 aB	0,56 aA
	Proeminente	0,53 aA	0,45 abA
(µg C g ⁻¹ de solo seco)	Húmico	477,02 aA	779,54 aA
	Moderado	467,07 aA	58,71 bB
	Proeminente	553,98 aA	791,32 aA
<i>qCO₂</i> (mg C-CO ₂ mg CBM)	Húmico	0,35 aA	0,48 bA
	Moderado	0,27 aB	1,97 aA
	Proeminente	0,26 aA	0,22 bA

Médias seguidas da mesma letra minúscula nas colunas e mesma letra maiúscula nas linhas, não diferem entre si pelo teste de Tukey, considerando 5 % de significância.

Os resultados mostram que o crescimento das plantas, independentemente da transgenia, praticamente não diferiu quando cultivadas em amostras de solo dos diferentes horizontes A exceto para maior MSPA do milho Bt no A húmico e maior MSR do milho não-transgênico no A moderado. O milho não-transgênico cultivado em amostra de solo do horizonte A húmico tendeu a ter crescimento menor em relação àquele cultivado nos demais tipos de horizonte A, possivelmente em virtude dos menores teores de P remanescente (Tabela 1) (Santos et al., 2002). Para BM-C, assim como discutido anteriormente, houve baixo efeito da transgenia, exceto para maior valor na amostra de solo do horizonte A moderado com milho Bt. Entretanto, houve uma redução nas médias de *qCO₂* para o milho Bt, caracterizando um menor impacto dessa cultura nos atributos bioquímicos do solo, uma vez que altos valores de *qCO₂* podem indicar um maior gasto de energia para a manutenção comunidade microbiana (Melloni et al., 2013).

Os atributos densidade total de fungos, bactérias, celulolíticos, amonificantes, solubilizadores de fosfato, comprimento do micélio extraradicular total, número total de esporos, porcentagem e intensidade de colonização radicular, e atividade microbiana, não apresentaram interação significativa entre os tratamentos, sendo avaliadas de forma independente e apresentadas na Tabela 4.

Entre os tipos de horizontes A, não houve diferença para densidade total de bactérias e celulolíticos, porcentagem (PCR) e intensidade de colonização radicular (ICR), os quais não

Tabela 4. Densidade de fungos, bactérias, celulolíticos (Celul.), Amonificantes (Amonif.), solubilizadores de fosfato (Sol. P), atividade microbiana (ATV), micélio extrarradicular total (MET), densidade de esporos, porcentagem de colonização radicular (PCR) e intensidade de colonização radicular (ICR).

Tratamentos	Fungos	Bactérias	Celul.	Amonif.	Sol. P
			log NMP g⁻¹ solo seco		
Húmico	9,05 b	10,48 a	11,56 a	4,19 b	4,68 a
Moderado	10,04 ab	10,80 a	10,95 a	4,39 b	4,64 b
Proeminente	10,84 a	10,64 a	11,94 a	6,67 a	4,67 a
MET m g ⁻¹	Esporos n° 50 mL solo		PCR	ICR	ATV μg CO ₂ g ⁻¹ solo seco 10 dias
Húmico	5,27 a	48,4 ab	84,9 a	20,16 a	185,26 a
Moderado	2,27 b	32,4 b	84,5 a	22,66 a	96,79 b
Proeminente	5,44 a	71,6 a	78,8 a	23,41 a	127,75ab
Fungos	Bactérias		Celul.	Amonif.	Sol. P
			log NMP g⁻¹ solo seco		
Transgênico Bt	10,00 a	10,13 b	11,63 a	4,82 a	4,67 a
Não-transgênico	9,95 a	11,15 a	11,34 a	5,35 a	4,66 a
MET m g ⁻¹	Esporos n° 50 mL solo		PCR	ICR	ATV μg CO ₂ g ⁻¹ solo seco 10 dias
Transgênico Bt	4,80 a	55,2 a	82,8 a	22,71 a	123,15 a
Não-transgênico	3,86 b	46,4 a	82,6 a	21,44 a	150,05 a

Médias seguidas da mesma letra nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey, considerando 5% de significância.

mostraram sensibilidade às suas diferenças químicas naturais (Tabela 1). No entanto, menores valores foram observados para densidade total de fungos e amonificantes no horizonte A húmico, e também para amonificantes, atividade microbiana, MET, solubilizadores de fosfato e densidade de esporos no horizonte A moderado.

Essa resposta negativa dos microrganismos ao horizonte A moderado pode estar relacionada à sua fertilidade, com menor pH em água, teor de Ca, SB, CTC e maior saturação em alumínio (m), comparado aos demais horizontes (Tabela 1), criando um ambiente edáfico desfavorável, com menor síntese de enzimas, danos na parede celular, redução da divisão celular, mobilidade e formação de relações simbióticas (Moreira & Siqueira, 2006).

Já entre as cultivares de milho, praticamente não foram observados efeitos da transgenia, exceto para densidade de bactérias e comprimento do MET, respectivamente com menor e maior valor nas amostras de solo dos horizontes A com milho Bt. O maior comprimento de MET na amostra de solo (independentemente do tipo de horizonte A) com milho Bt não esteve associado à maior colonização radicular (Tabela 4). Isso representa um crescimento desordenado do micélio externo do FMA em relação à colonização interna, podendo desencadear, no decorrer da simbiose, um maior dreno de carbono do hospedeiro para a formação da rede micelial, com consequências negativas ao crescimento da planta. O tempo de condução do experimento não foi suficiente para essa expressão (Tabela 3). No entanto, a evolução do mutualismo para parasitismo da simbiose tem sido observada (Kiriachek et al., 2009). Assim como no presente trabalho, outros pesquisadores verificaram que as variações nos atributos microbiológicos estudados podem ter sido ocasionadas em função da variação natural do ambiente de cultivo (no caso, amostras de solo de diferentes horizontes), não sendo possível evidenciar, em curto prazo, os efeitos da transgenia (Chun et al., 2011).

Esses resultados podem, inicialmente, indicar que o tempo de condução experimental (103 dias) foi insuficiente para que evidenciasse o efeito da transgenia do milho Bt nos demais tratamentos relacionados ou não a FMAs, já que a mesma está

relacionada, em condições de campo, à resistência a pragas, doenças e maior produção (Bobrowski et al., 2003). No entanto, em estudos anteriores, que conduziram experimentos também em curto prazo, avaliando o efeito de plantas geneticamente modificadas na microbiota do solo, não observaram alterações em atributos como densidade de bactérias, fungos e actinobactérias em solo rizosférico de algodão (Zhang et al., 2014), assim como Saxena & Stotzky (2001) que não observaram efeitos do milho Bt (Cry1Ab) na densidade total de microrganismos do solo, por um período de 40 dias.

Da mesma forma, Yang et al. (2014), avaliando o solo rizosférico do cultivo de algodão transgênico e não transgênico, não observaram diferenças nos exsudatos liberados pelas raízes, exceto pela presença do gene Bt. Entretanto, mesmo alguns trabalhos não apresentando efeito negativo direto das plantas geneticamente modificadas nos microrganismos do solo, a própria ação nos insetos alvos pode causar um desequilíbrio ambiental, afetando indiretamente as comunidades de insetos não alvos, o que pode levar a impactos nas comunidades microbianas do solo (Liu et al., 2015).

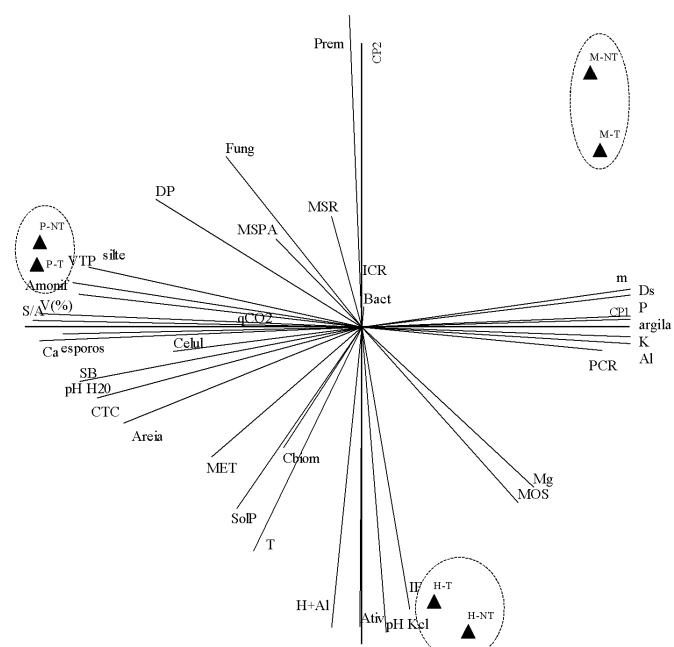
Especificamente para FMAs, Cheeke et al. (2012) e Cheeke et al. (2014) observaram redução da colonização radicular em milhos Bt e do número de esporos, respectivamente, sendo ambos os trabalhos conduzidos por um período de 60 dias após a semeadura. Esses resultados convergem para o fato dessa redução de propágulos afetarem o estabelecimento da simbiose entre as plantas transgênicas e os FMAs. Nesse sentido, Siqueira et al. (2004) afirmaram, ainda, que os cultivos transgênicos podem causar diversas alterações na comunidade microbiana do solo e em alguns processos microbiológicos, podendo interferir na nodulação, micorrização, estabelecimento de relações patogênicas e, consequentemente, em processos bioquímicos e em sua própria segurança.

Todos os atributos químicos, físicos, microbiológicos e de crescimento vegetal, determinados diretamente nas amostras de solo dos horizontes húmico (H), proeminente (P) e moderado (M) e milhos Bt e não-transgênico foram utilizados para análise multivariada de componentes principais, cujos valores de autovetores relacionam os dois componentes principais,

os quais compuseram 85,94 % da variância total dos dados, sendo 56,06 % para o componente principal (CP) 1 e 29,88 % para o CP2. Os atributos microbiológicos apresentaram maior relação com o CP2, enquanto os atributos químicos e físicos apresentaram forte relação com o CP1 (Figura 1).

Dessa forma, confirma-se o maior efeito dos tipos de horizontes A em relação à transgenia sobre os atributos microbiológicos, químicos, físicos do solo e de crescimento vegetal avaliados, onde se observam os horizontes, independentemente da transgenia, ocupando quadrantes distintos. O horizonte húmico (H) ocupou posição oposta ao horizonte proeminente (P), em virtude, principalmente, dos maiores valores de MOS (Tabela 1) e baixos valores de densidade de fungos e de amonificantes (Tabela 3). Já o horizonte moderado (M) apresentou-se em quadrante com baixos valores, principalmente, de atributos microbiológicos (MET, solubilizadores de fosfato, C biomassa, celulolíticos e densidade de esporos) e químicos (CTC, T, SB, pH H₂O e Ca).

Salienta-se, portanto, que os atributos microbiológicos solubilizadores de fosfato, carbono da biomassa microbiana, micélio extrarradicular total, celulolíticos, número de esporos e amonificantes apresentaram forte relação com os atributos que refletem melhor fertilidade do solo (maiores valores de CTC, pH H₂O, SB, Ca, V, VTP e menores valores de Al, Argila, DS e Ca).



Tratamentos: H-T: horizonte húmico com milho transgênico; H-NT: Horizonte húmico com milho não-transgênico; M-T: Horizonte moderado com milho transgênico; M-NT: Horizonte moderado com milho não-transgênico; P-T: Horizonte proeminente com milho transgênico; P-NT: Horizonte proeminente com milho não-transgênico. Atributos microbiológicos: bactérias; fungos, celulolíticos; amonificantes; solubilizadores de P; Carbono da biomassa; Ativ (atividade microbiana); MET (micélio extrarradicular total); PCR (porcentagem de colonização micorrízica); ICR (intensidade de colonização radicular); esporos (número total de esporos) e qCO₂. Atributos relacionados a plantas: MSPA (massa da matéria seca da parte aérea); MSR (massa da matéria seca radicular). Atributos químicos: pH; MOS (matéria orgânica do solo); SB (soma de bases); V (saturação por bases); m (saturação por alumínio); K; Ca; Mg; Al; H+Al; CTC; T; P; Prem (P remanescente). Atributos físicos: Areia; Silte; Argila; S/A (relação silte/argila); IF; VTP; DS.

Figura 1. Componentes principais das médias dos atributos físicos, químicos, microbiológicos e crescimento vegetal obtidos nos tratamentos com milho transgênico e não-transgênico sob diferentes tipos de horizontes A

m), sendo esses fatores nutricionais responsáveis diretamente para o melhor crescimento microbiano no solo (Moreira & Siqueira, 2006).

Assim, com o desenvolvimento das culturas transgênicas no Brasil e no mundo, mesmo com possíveis benefícios apresentados e um não impacto direto em curto prazo, os impactos indiretos das culturas, bem como o efeito em organismos não-alvo da transgenia, devem ser constantemente analisados e foco de estudos científicos.

Conclusões

O milho Bt promoveu redução da densidade de bactérias, redução na massa seca da raiz e aumento do comprimento de micélio extrarradicular de fungos micorrízicos arbusculares, sem consequências negativas no seu crescimento vegetativo.

O milho Bt, independentemente do cultivo nos diferentes horizontes A, não promoveu efeitos negativos na densidade de fungos, celulolíticos, amonificantes, solubilizadores de fosfato, densidade de esporos, colonização radicular, atividade microbiana e atributos bioquímicos do solo como carbono da biomassa microbiana e *qCO₂*.

Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio.

Literatura Citada

- Anderson, J.P.E. Soil respiration. In: Page, A.L.; Miller, R.H.; Keeney, D.R. (Eds.). *Methods of soil analysis: chemical and microbiological properties*. 2.ed. Madison: Soil Science Society of America; American Society of Agronomy, 1982. Part 2, p.831-845.
- Araújo, W. L.; Rossetto, P. B. Sobral, J. K. Transferência horizontal de genes de plantas geneticamente modificadas: Avaliação dos riscos para as comunidades microbianas. In: Melo, I. S.; Azevedo, J. L. (Eds.). *Microbiologia ambiental*. Jaguariúna: Embrapa Meio Ambiente, 2008. p.629-639.
- Azevedo, J. L.; Araujo, W. L. Genetically modified crops: environmental and human health concerns. *Mutation Research*, v.544, n.2-3, p.223-233, 2003. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.mrrev.2003.07.002>>.
- Bethlenfalvay, G. J.; Pacovsky, R. S.; Brown, M. S. Measurement of mycorrhizal infection in soybeans. *Science Society of American Journal*, v.45, n.5, p.871-875, 1981. <<http://dx.doi.org/10.2136/sssaj1981.03615995004500050009x>>.
- Bobrowski, V. L.; Fiúza, L. M.; Pasquali, G.; Bodanese-Zanettini, M. H. Genes de *Bacillus thuringiensis*: uma estratégia para conferir resistência a insetos em plantas. *Ciência Rural*, v.34, n.1, p.843-850, 2003. <<http://www.scielo.br/pdf/cr/v33n5/17128.pdf>>. 29 Set. 2016.

- Cheeke, T. E. Darby, H.; Rosenstiel, T. N.; Bever, J. D.; Cruzan, M. B. Effect of *Bacillus thuringiensis* (*Bt*) maize cultivation history on arbuscular mycorrhizal fungal colonization, spore abundance and diversity, and plant growth. *Agriculture, ecosystems and environment*, v.195, p.29-35, 2014. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.agee.2014.05.019>>.
- Cheeke, T. E.; Rosenstiel, T. N.; Cruzan, M. B. Evidence of reduced arbuscular mycorrhizal fungal colonization in multiple lines of *Bt* maize. *American Journal of Botany*, v.99, n.4, p.700-707, 2012. <<http://dx.doi.org/10.3732/ajb.1100529>>.
- Chun, Y. J. Kim, D. Y.; Kim, H. J.; Park, K. W.; Jeong, S. C.; Park, S.; Lee, B.; Harn, C. H.; Kim, H. M. Kim, C. G. Do transgenic chili pepper plants producing viral coat protein affect the structure of a soil microbial community? *Applied Soil Ecology*, v.51, p.130-138, 2011. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.apsoil.2011.09.008>>.
- Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2015/16 - Quarto Levantamento - Janeiro/2016. Brasília: CONAB, 2016. 152p. <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_12_11_11_02_58_boletim_graos_dezembro_2015.pdf>. 19 Jan. 2016.
- Devare, M. Londono-R, L. M. Thies, J. E. Neither transgenic Bt maize (MON863) nor tefluthrin insecticide adversely affect soil microbial activity or biomass: A 3-year field analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, v.39, n.8, p.2038-2047, 2007. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.soilbio.2007.03.004>>.
- Ferreira, A.S.; Camargo, F. A.; Vidor, C. Utilização de microondas na avaliação da biomassa microbiana do solo. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, v.23, n.4, p.991-996, 1999. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06831999000400026>>.
- Gerdemann, J. W.; Nicolson, T. H. Spores of mycorrhizas endogamus species extracted from soil by wet sieving and decanting. *Transaction of the British Mycological Society*, v.46, n.2, p.235-244, 1963. <[http://dx.doi.org/10.1016/S0007-1536\(63\)80079-0](http://dx.doi.org/10.1016/S0007-1536(63)80079-0)>.
- Giovanetti, M.; Mosse, B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots. *New Phytology*, v.84, n.3, p.489-500, 1980. <<http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-8137.1980.tb04556.x>>.
- James, C. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2014. Ithaca: ISAAA, 2014. (ISAAA Brief, 49). <<http://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/49/>>. 18 Jan. 2016.
- Kiriachek, S. G.; Azevedo, L. C. B.; Peres, L. E. P.; Lambais, M. R. Regulação do desenvolvimento de micorrizas arbusculares. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, v.33, n.1, p.1-16, 2009. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06832009000100001>>.
- Liu, Y.; Li, J.; Junior, C. N. S.; Luo, Z.; Xiao N. The effects of the presence of *Bt*-transgenic oilseed rape in wild mustard populations on the rhizosphere nematode and microbial communities. *Science of The Total Environment*, v.530-531, p.263-270, 2015. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.05.073>>.
- Liu, Y.; Li, J.; Luo Z.; Wang, H.; Liu, F. The fate of fusion Cry1Ab/1Ac proteins from *Bt*-transgenic rice in soil and water. *Ecotoxicology and Safety*, v.124, p.455-459, 2016. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.ecoenv.2015.11.025>>.
- Melloni, R.; Pereira, E.G.; Trannin, I.C.B.; Santos, D.R.; Moreira, F.M.S.; Siqueira, J.O. Características biológicas de solos sob mata ciliar e campo cerrado no sul de Minas Gerais. *Ciência e Agrotecnologia*, v.25, n.1, p.7-13, 2001. <<http://www.editora.ufla.br/index.php/component/phocadownload/category/39-volume-25-numero-1?download=625:vol25numero1>>. 27 Jan. 2016.
- Melloni, R.; Belleze, G.; Pinto, A. M. S.; Dias, L. B. P.; Silve, E. M.; Melloni, E. G.; Alvarenga, M. I. N.; Alcantara, E. N. Métodos de controle de plantas daninhas e seus impactos na qualidade microbiana de solo sob cafeiro. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, v.37, n.1, p.66-75, 2013. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06832013000100007>>.
- Melloni, R.; Cardoso, E. J. B. N. Quantificação de micélio extrarradicular de fungos micorrízicos arbusculares em plantas cítricas. I. Método empregado. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, v.23, n.1, p.53-58, 1999. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06831999000100007>>.
- Melloni, R.; Melloni, E. G. P.; Alvarenga, M. I. N.; Vieira, F. B. M. Avaliação da qualidade de solos sob diferentes coberturas florestais e de pastagem no sul de Minas Gerais. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, v.32, n.6, p.2461-2470, 2008. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06832008000600023>>.
- Moreira, F. M. S; Siqueira, J. O. Microbiologia e bioquímica do solo. 2.ed. Lavras: Universidade Federal Lavras, 2006. 729p.
- Santos, H. Q.; Fonseca, D. M.; Cantarutti, R. B.; Alvarez, V. H.; Junior, D. N. Níveis críticos de fósforo no solo e na planta para gramíneas forrageiras tropicais, em diferentes idades. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, v.26, n.1, p.173-182, 2002. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06832002000100018>>.
- Saxena, D.; Stotzky, G. *Bacillus thuringiensis* (*Bt*) toxin released from root exudates and biomass of *Bt* corn has no apparent effect on earthworms, nematodes, protozoa, bacteria, and fungi soil. *Soil Biology and Biochemistry*, v.33, n.9, p.1225-1230, 2001. <[http://dx.doi.org/10.1016/S0038-0717\(01\)00027-X](http://dx.doi.org/10.1016/S0038-0717(01)00027-X)>.
- Siqueira, J.O.; Trannin, I.C. de B.; Ramalho, M.A.P.; Fontes, E.M.G. Interferências no agroecossistema e riscos ambientais de culturas transgênicas tolerantes a herbicidas e protegidas contra insetos. *Caderno de Ciência e Tecnologia*, v.21, n.1, p.11-81, 2004. <<http://seer.sct.embrapa.br/index.php/cct/article/view/8718>>. 19 Jan. 2016.
- Stephens, E. J.; Losey, J. E.; Allee, L. L.; DiTommaso, A.; Bodner, C. The impact of Cry3Bb *Bt*-maize on two guilds of beneficial beetles. *Agriculture, ecosystems and environment*. v.156, p.72-81, 2012. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.agee.2012.05.002>>.
- Yang, B.; Chen, H.; Liu, X.; Ge, F.; Chen, Q. Bt cotton planting does not affect the community characteristics of rhizosphere soil nematodes. *Applied Soil Ecology*, v.73, p.156-164, 2014. <<http://dx.doi.org/10.1016/j.apsoil.2013.09.001>>.
- Zhang, Y. J.; Xie, M.; Peng, D. L. Effects of the transgenic *Cry1Ac* and *CpTI* insect-resistant populations in northern China. *Plant Soil and Environment*, v.60, n.6, p.285-289, 2014. <<http://www.agriculturejournals.cz/publicFiles/123207.pdf>>. 19 Jan. 2016.