

BIOINDICADORES PARA UMA ANÁLISE DE RISCO AMBIENTAL

Organismos geneticamente modificados e grupos funcionais de microrganismos do solo

Galdino Andrade

*Biólogo, Doutor, Professor da Universidade Estadual de Londrina, CCB, Departamento de Microbiologia, Laboratório de Ecologia Microbiana, Londrina, PR.
andradeg@uel.br*

Marco Antonio Nogueira

Engenheiro-Agrônomo, Doutor, Professor da Universidade Estadual de Londrina

Imagens cedidas pelos autores

1. Introdução

A necessidade de alimentar a população mundial em crescente aumento faz com que novas tecnologias e técnicas de cultivo sejam empregadas, muitas das quais eram utópicas para o homem há não mais que duas décadas. Nesse cenário estão as plantas e microrganismos geneticamente modificados, ou simplesmente organismos geneticamente modificados (OGMs). Se por um lado seus defensores vislumbram uma forma de produção agrícola e defesa das culturas quanto a pragas, doenças e plantas concorrentes de uma forma totalmente inédita, por outro, muito pouco se sabe sobre seus efeitos em longo prazo no ambiente. Os possíveis riscos ambientais em decorrência de seus (possíveis?) efeitos colaterais, somente as pesquisas poderão responder. Afirmações calorosas pró ou contra, sem embasamento científico, são apenas especulações que não contribuem em nenhum sentido para o desafio da produção de alimentos para uma população cada vez maior, num planeta cada vez mais escasso de recursos naturais que precisam ser conservados.

O desenvolvimento e o uso de plantas geneticamente modificadas (PGMs) é polêmico e o debate público é intenso. O uso de PGMs na produção agrícola pode ter um grande potencial para a melhora dos níveis nutricionais dos alimentos ou na proteção do solo devido à produção de maior quantidade de matéria orgânica, de ácidos orgânicos na

rizosfera, que podem melhorar as qualidades físicas, químicas e biológicas do solo, bem como promover a obtenção mais eficiente de nutrientes do solo pelas raízes das plantas. Neste artigo será abordado o efeito que as PGMs podem ter sobre as comunidades microbianas do solo e o meio ambiente.

2. O Solo

Quando se fala em meio ambiente, é impossível dissociar os ambientes terrestres do solo e dos organismos que nele habitam. Os processos pedogenéticos envolvem complexas interações físicas, químicas e biológicas que dependem do material de origem, da topografia, do clima e da ação de organismos vivos. Os primeiros organismos habitantes do solo em formação são as algas, que além de realizarem fotossíntese também fixam nitrogênio atmosférico. Quanto associadas a determinados fungos formam os líquens, os quais constituem as primeiras fontes de carbono orgânico e de nitrogênio no solo em formação, o que possibilita o estabelecimento de outros microrganismos e plantas (Figura 1). O estabelecimento de outros microrganismos, incrementa a produção de CO_2 , o qual é convertido em ácido carbônico (H_2CO_3) e atua na dissolução dos minerais, contribuindo ainda mais para a formação do solo. Além disso, muitos microrganismos produzem ácidos orgânicos, que também atuam nesse processo.

Além de ser a base de sustentação física para as plantas, o solo é a fonte dos nutrientes essenciais para



Figura 1. Líquens colonizando um afloramento de rocha, propiciando o estabelecimento de outros (micro)organismos que atuarão nas etapas iniciais de formação do solo

o desenvolvimento vegetal. Com o estabelecimento dos vegetais superiores nesse ambiente, surge uma importante zona ao redor de suas raízes, a rizosfera, a qual será abordada mais detalhadamente neste artigo. Nessa complexa interação entre vegetais, animais e minerais, os microrganismos desempenham um papel essencial no funcionamento dos ecossistemas pelo seu papel fundamental nos ciclos biogeoquímicos, que compreendem a ciclagem de nutrientes e do carbono.

A fração orgânica do solo, composta por restos vegetais, animais e microbianos em diversos estágios de decomposição e síntese microbiana, é chamada húmus, a porção estável

da matéria orgânica do solo. Ele é o reservatório de energia para microrganismos e nutrientes para plantas e microrganismos, além de desempenhar importante papel na estabilidade de agregados do solo e retenção de água. Além disso, água e gases também ocupam a porção porosa do solo. A interação entre esses fatores físicos e químicos resulta na diversidade de habitats que se formam no solo, o que determina a composição e a atividade da comunidade microbiana do solo num determinado local e tempo.

Depois da rizosfera, os locais de maior atividade microbiana são as superfícies das partículas de solo e os microporos, formando diversos

microhabitats. Mesmo um único microagregado de solo pode apresentar diversos microambientes e, conseqüentemente, hospedar uma gama diversificada de microrganismos (Figura 2). As condições físico-químicas em um microhabitat podem mudar rapidamente no tempo e no espaço; a concentração de O_2 representada na Figura 2 é apenas uma representação instantânea e pode mudar drasticamente em função da atividade microbiana e da umidade do solo.

Raízes de plantas, microrganismos e animais que compõem a comunidade biológica do solo produzem enzimas intra e extracelulares que têm grande participação nos ciclos biogeoquímicos. Essas enzimas podem continuar ativas por longo tempo após terem sido liberadas no solo, desempenhando sua atividade de acordo com sua especificidade. A razão pela longa viabilidade no ambiente reside no fato de que essas enzimas interagem com as superfícies carregadas dos colóides do solo, orgânicos e minerais, onde permanecem protegidas da ação de proteases, mas ainda mantém sua capacidade catalítica.

2.1 OGMs e comunidade microbiana do solo

As alterações genéticas de plantas representam uma das áreas de mais rápido desenvolvimento

Tabela 1. Métodos de detecção de microrganismos geneticamente modificados após sua liberação no solo.

Métodos in situ	Métodos extrativos	
	Deteção celular	Deteção genética
- Microscopia direta (imunofluorescência, outras colorações específicas, bioluminescência)	- Contagem em placas - Estimativa pelo número mais provável - Métodos imunológicos - Citometria de fluxo - Concentração de afinidade - Técnicas baseadas em luminescência	- Amplificação de genes por PCR - Seqüenciamento e mapeamento de genes - Análises de RNA

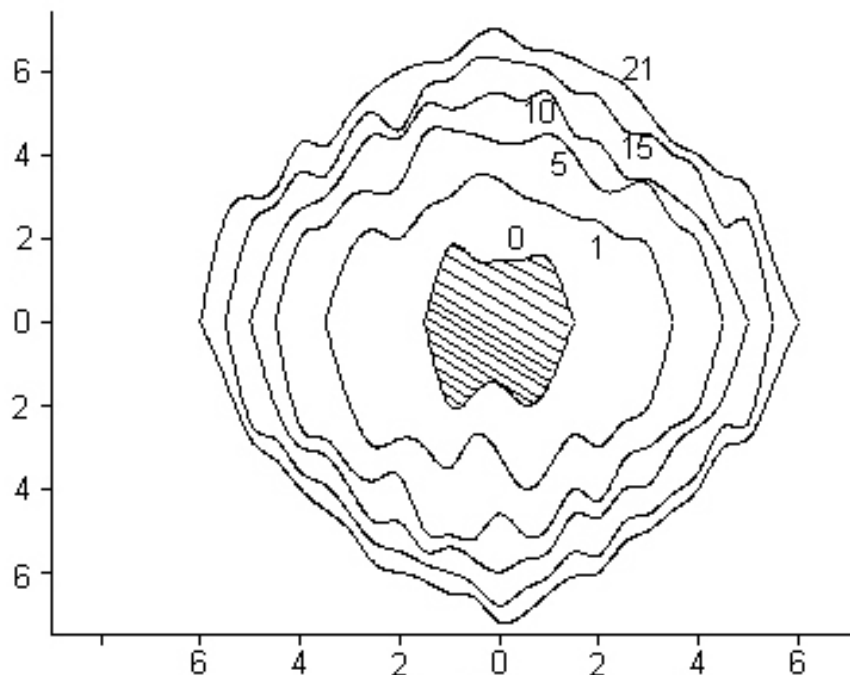


Figura 2. Diagrama ilustrando as concentrações (%) de O_2 ao redor de uma partícula de solo. Em termos de exigências de O_2 para diversos grupos microbianos, pode-se dizer que cada região delimitada por uma isolinha representa um microhabitat.

dentro da biotecnologia. Essas alterações têm vários objetivos, tais como o aumento da resistência de plantas a fungos, vírus, insetos, congelamento, herbicidas e mesmo para aumentar a eficiência fotossintética das plantas com conseqüente aumento da quantidade de CO_2 fixado. Não é difícil concluir que qualquer modificação genética que altere a fisiologia da planta também alterará a comunidade microbiana no solo em que essa planta for cultivada, visto que, em última análise, os microrganismos heterotróficos do solo têm sua atividade dependente dos produtores primários de substrato para obtenção de energia, as plantas. Essa alteração deverá ser mais evidente na rizosfera, mas também deverá ser percebida nos demais microhabitats do solo.

Além das alterações genéticas de plantas, também existe potencial de uso dessa tecnologia em microrganismos, principalmente simbioses ou promotores de crescimento de plantas. A introdução de uma planta geneticamente modificada no ambi-

ente pode ser menos problemática que a introdução de um microrganismo, pois estes quando introduzidos ao solo e sendo estranhos àquele ambiente, precisam ser hábeis em competir com os microrganismos nativos por nichos específicos. Por outro lado, qualquer risco associado a organismos geneticamente modificados no ambiente são mais previsíveis e mais facilmente controláveis quando se empregam plantas em comparação com microrganismos, porque o gene do microrganismo engenheirado pode ser transferido para outros grupos microbianos do solo por meio de recombinação genética.

No caso de microrganismos simbioses como os rizóbios, seja qual for o mecanismo de alteração genética, o objetivo final é o aumento dos níveis de produtividade da cultura a se beneficiar da interação microbiana, quer seja por meio do aumento da eficiência do simbiote na associação com a planta ou pelo aumento de sua competitividade no solo. Esse último caso pode ser al-

cançado pela manipulação genética do próprio rizóbio ou ainda por uma estratégia indireta de co-inoculação do rizóbio com bactérias produtoras de antibióticos para aumentar a colonização e a nodulação das leguminosas. No caso de introdução de genes de resistência a antibióticos, bem como a co-inoculação com bactérias já resistentes, é possível que haja efeitos sobre a comunidade microbiana do solo, já que as bactérias modificadas terão um mecanismo a mais para competir por um nicho com os microrganismos nativos. Caso esses microrganismos nativos desempenhem um papel importante nos ciclos biogeoquímicos, este poderá deixar de ocorrer em sua plenitude, comprometendo a funcionalidade daquele ecossistema.

O desenvolvimento biotecnológico de plantas e microrganismos geneticamente modificados, embora possa trazer muitos benefícios para a agricultura ou para outras aplicações, como a biorremediação, pode ter efeitos ambientais adversos. Todos esses possíveis efeitos devem ser avaliados, de preferência em condições controladas, antes que seja feita qualquer introdução desses organismos no ambiente.

2.2 Estratégias de monitoramento dos efeitos de OGMs no ambiente

Os efeitos de plantas e microrganismos geneticamente modificados no ambiente podem ser monitorados por meio de várias estratégias, cada qual dependendo do gene inserido e do organismo envolvido. A competição (persistência e invasão de comunidades indígenas), patogenicidade e toxicidade a organismos não-alvo, transferência de genes a organismos indígenas e a dispersão para além do ambiente alvo, devem ser avaliados em condições controladas antes que se faça o uso desses organismos modificados em ambiente aberto. As técnicas necessárias para se fazer tais avaliações são bem definidas no caso de plantas em comparação a microrganismos. A avaliação de determinados grupos microbianos que desempenham funções específicas no solo, os chama-



Figura 3. Rizosfera. Os microrganismos crescem ao redor da raiz (Ra) formando a rizosfera (Ri).

dos grupos funcionais, pode ser uma ferramenta útil para avaliar o efeito de organismos geneticamente modificados no ambiente solo, visto que esses grupos são bastante sensíveis a alterações ambientais, podendo ser utilizados como indicadores. Os grupos funcionais de microrganismos do solo serão abordados com mais detalhes neste artigo.

A detecção e monitoramento de microrganismos geneticamente modificados no solo podem ser feitos por técnicas que envolvem extração ou ainda *in situ* (Tabela 1).

As técnicas ideais de detecção e monitoramento de organismos geneticamente modificados seriam aquelas que pudessem identificar uma única célula *in situ*, avaliar sua atividade e facilitar o rastreamento do gene em questão. Uma estratégia utilizada envolve a clonagem de genes *lux* provenientes de vibriões

marinhos em organismos carregando algum gene estranho de interesse. Dessa forma, poder-se-á obter a imagem da célula modificada, bem como a sua atividade metabólica, que será proporcional à bioluminescência catalisada pela enzima luciferase. O marcador envolvendo bioluminescência tem a vantagem de não trazer consigo preocupações ambientais adicionais associadas aos marcadores para resistência a antibióticos, utilizados em muitas situações.

2.3 OGMs no ambiente

A sobrevivência e dispersão de microrganismos geneticamente modificados dependerão da sua interação com a biota nativa do solo (plantas, microrganismos e animais) bem como com as características físico-químicas do solo em questão. Microrganismos exógenos, quando adicionados ao solo, geralmente têm

baixa sobrevivência devido à sua incapacidade de habitar um ambiente distinto, ou ainda competir com os microrganismos nativos, já adaptados àquele ambiente. Por exemplo, se um microrganismo geneticamente modificado é introduzido num solo úmido, as células se localizarão predominantemente na solução do solo. Nessas condições, essas células serão alvo fácil para protozoários que se alimentam de bactérias, diminuindo rapidamente o número de células das bactérias recém introduzidas. No que se refere à dispersão de microrganismos, o potencial de água no solo desempenha importante papel, pois a maior parte do movimento de células microbianas está restrita a períodos após ocorrência de chuvas ou irrigação, quando a maior parte dos macroporos do solo está cheia de água, que se movimenta por drenagem ao longo do perfil ou mesmo por movimento lateral, caso haja um gradiente de potencial de água no solo em determinado sentido. Outro fator que pode colaborar na dispersão de microrganismos geneticamente modificados no solo é a ação de minhocas e protozoários, ingerindo microrganismos num ponto e evacuando em outro.

Alguns autores defendem que a liberação de microrganismos geneticamente modificados no ambiente não afetaria a integridade funcional do solo, uma vez que as diferenças entre os microrganismos selvagens e os modificados são muito sutis: apenas um ou dois genes são inseridos ou deletados entre milhares, a não ser nos casos em que a patogenicidade do microrganismo seja alterada. Assim como os efeitos de pesticidas e outros químicos sobre processos e integridade funcional do solo são avaliados, o mesmo deve ser feito para os organismos geneticamente modificados e para isso os bioindicadores com alta sensibilidade deverão ser empregados. Entre eles, podem ser citados os grupos funcionais de microrganismos do solo envolvidos nos ciclos do carbono, nitrogênio e fósforo.

Uma estratégia para minimizar os efeitos da introdução de micror-

ganismos geneticamente modificados no solo pode ser a limitação de sua persistência por meio da inserção de genes suicidas, os quais são acionados sob determinada situação ambiental, levando as células que os contém à morte. Entretanto, há que se considerar a questão da recombinação genética entre microrganismos, os quais podem incorporar fragmentos de DNA das células mortas.

3. Rizosfera

A maior parte da atividade microbiana do solo está localizada principalmente em uma zona do solo que está em íntimo contato com a superfície das raízes que é chamada de rizosfera (Figura 3). Nesta zona ocorrem inúmeros processos de interação entre os diferentes grupos de macro e microrganismos e a planta.

Como pode ser visto na Figura 3,

uma comunidade microbiana se estabelece ao redor das raízes até onde a concentração de nutrientes liberada pelos exsudatos e lisatos radiculares é suficiente para suportar seu crescimento. A rizosfera é uma fronteira ainda inexplorada para a engenharia genética. Os processos que ocorrem nesta zona do solo influenciam a incidência de doenças das plantas e a sua nutrição, por sua vez, as raízes influenciam a dinâmica e a composição das comunidades microbianas qualitativa e quantitativamente.

Por estas razões, os microrganismos rizosféricos são excelentes bio-indicadores para avaliar qualquer alteração benéfica ou maléfica que possa ocorrer no solo. As PGMs devido à introdução de novos genes podem expressar proteínas ou produtos do metabolismo que seguramente serão liberados pelos exsudatos ou lisatos radiculares; o

efeito benéfico ou maléfico destes produtos no meio ambiente pode ser avaliado pelas alterações que ocorrem nas comunidades microbianas que vivem na rizosfera (Figura 4).

Por outro lado, as PGMs podem também alterar qualitativamente microrganismos benéficos da rizosfera, resultado da composição dos seus exsudatos. Uma PGM poderia ter maior resistência a fitopatógenos ou pragas por conter nos seus exsudatos compostos que estimulam populações de microrganismos antagonistas destes patógenos ou pragas. Também poderiam ser estimulados outros grupos de microrganismos que participam ativamente da nutrição das plantas como as bactérias fixadoras de nitrogênio e fungos micorrízicos arbusculares (MA)

4. Grupos funcionais de microrganismos

A ecologia do solo tem muito para contribuir na compreensão dos importantes processos que ocorrem em diferentes níveis do ecossistema que afetam o crescimento da planta tais como a microbiota da rizosfera, a dinâmica da matéria orgânica, a ciclagem de nutrientes e a estrutura do solo. A proposta é discutir o papel dos grupos funcionais de microrganismos que vivem na rizosfera e participam da ciclagem de nutrientes e sua importância como bio-indicadores da saúde do solo ou de distúrbios que podem ocorrer devido à ação antrópica.

Muitos destes grupos atuam diretamente na nutrição da planta, como os rizóbios e os fungos micorrízicos que são microrganismos simbióticos. Nas décadas anteriores, estes grupos foram estudados extensivamente, mas muito pouco foi feito com relação às interações com outros grupos de microrganismos funcionais, esquecendo-se que no sistema rizosférico existem muitas outras interações que possuem grande importância ecológica para a manutenção da vida no planeta e conseqüentemente no solo, já que este é parte de um todo.

Muitas etapas da ciclagem de

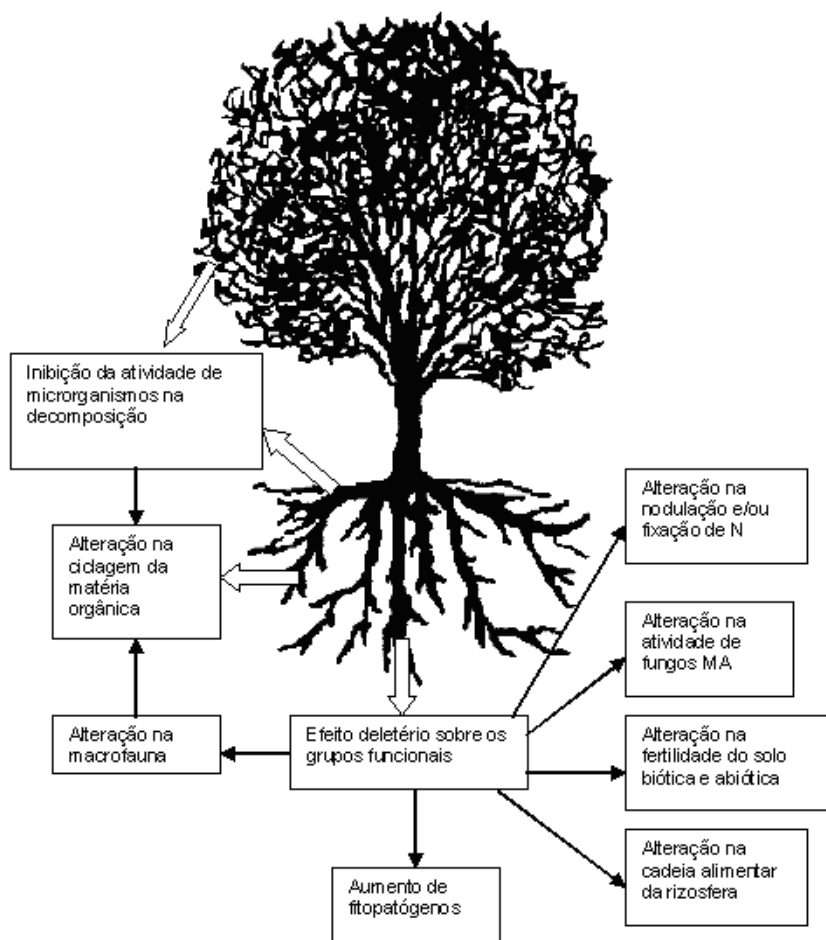


Figura 4. Possíveis alterações que as PGMs podem causar na comunidade microbiana da rizosfera.

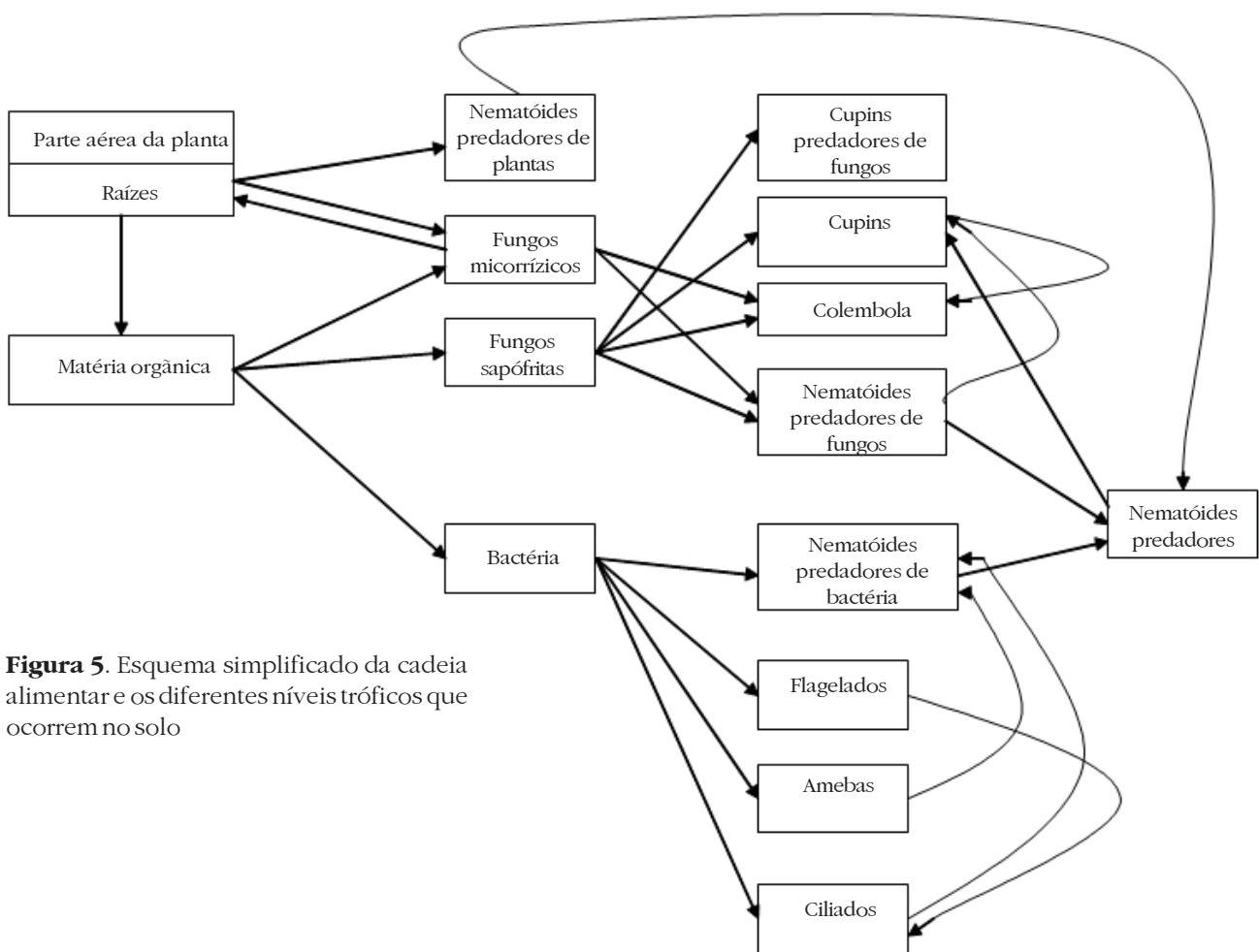


Figura 5. Esquema simplificado da cadeia alimentar e os diferentes níveis tróficos que ocorrem no solo

nutrientes são realizadas exclusivamente por microrganismos, sendo que alguns podem participar de um ou mais ciclos biogeoquímicos. A compreensão das interações entre diferentes populações de acordo com fenótipos específicos pode nos dar uma maior visão dos processos que estão ocorrendo no solo. Agrupar as comunidades microbianas por fenótipos é mais realístico do que determinar as espécies que estão envolvidas nos processos. É certo

que somente uma pequena porcentagem da comunidade microbiana é capaz de crescer em meio de cultura, mas mesmo assim se considerarmos que temos uma amostra da comunidade microbiana, podemos obter dados de qualidade para o monitoramento dos efeitos de produtos químicos ou biológicos e seu impacto ambiental e os eventuais efeitos na ciclagem de nutrientes e na fertilidade do solo.

Os aspectos da funcionalidade

de são muito mais importantes do que a biodiversidade nos sistemas naturais e agrícolas. Algumas questões podem ser levantadas com relação à biodiversidade. A primeira pergunta que devemos fazer é: O que é mais importante para o ecossistema: o número de espécies que compõe um grupo funcional ou o potencial de transformação que possui este grupo? Por outro lado, algumas questões podem ser levantadas como: Dentro da dinâmica biológica o que representa uma espécie no sistema? Qual é a importância que uma espécie pode ter na ciclagem de nutrientes? Estas perguntas podem nos levar a concluir que precisamos começar a rever nossa visão em relação ao microcosmo do solo. Devemos ampliar a compreensão dos processos biológicos que ocorrem no sistema solo-planta, assumindo estes processos como um todo, e cada grupo funcional como uma fração deste todo. Somente as-

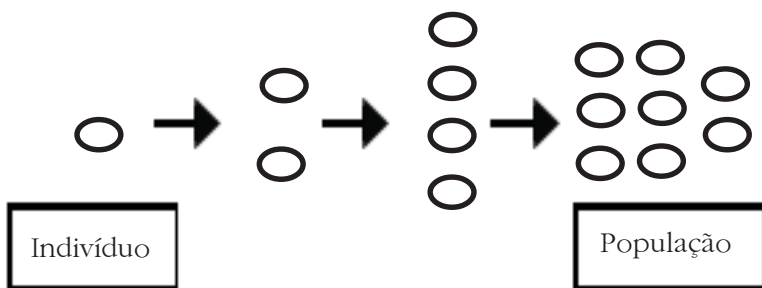


Figura 6. A partir de uma célula é formada uma população

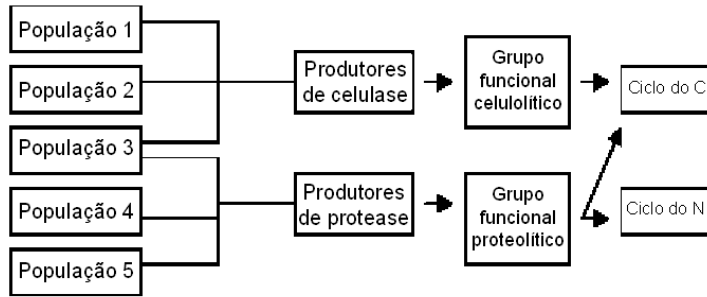


Figura 7. Várias populações de microrganismos podem participar de um ou mais ciclos biogeoquímicos

sim, vamos poder determinar o impacto ambiental ou a influência das PGMs sobre as comunidades de microrganismos do solo, não apenas sobre um grupo funcional. É também necessário fazer uma avaliação dos diversos grupos funcionais que participam de diferentes etapas dos ciclos biogeoquímicos do carbono, fósforo, enxofre e nitrogênio, bus-

cando as correlações entre eles.

Os grupos funcionais também estão diretamente relacionados com a cadeia alimentar do solo (Figura 5), que é mantida pelo equilíbrio da interações entre a parte biótica (microrganismos, macrorganismos e planta) e abiótica (solo e água) do solo. Estas interações entre os diferentes níveis tróficos são responsáveis em

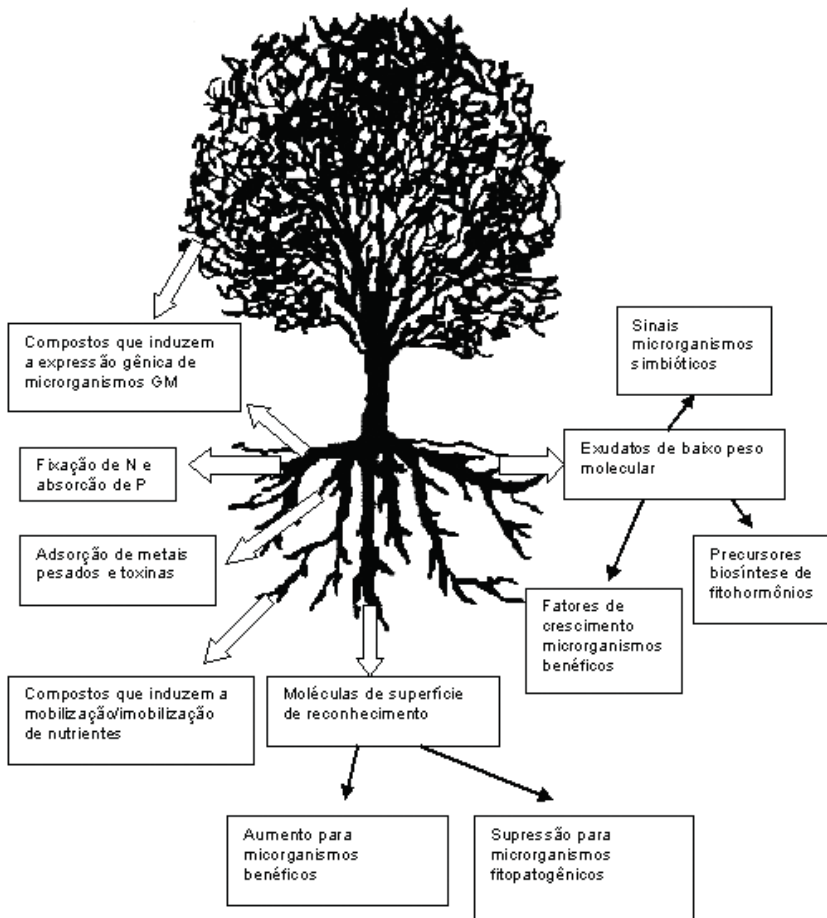


Figura 8. A partir da introdução de novos genes, as PGMs poderiam ter uma rizosfera engenheirada capaz de mediar as interações microrbianas que beneficiariam o meio ambiente, a nutrição e a saúde da planta

grande parte pela sustentabilidade do ecossistema.

A cadeia alimentar pode sofrer grandes variações tanto positivas como negativas sob a influência das PGMs. Qualquer população que for afetada pode desequilibrar todo o sistema. Em relação à biodiversidade da microbiota, esta é importante para outros objetivos, como na busca de produtos específicos com uso potencial na indústria. A importância no meio ambiente ainda deve ser investigada, já que as técnicas moleculares utilizadas atualmente não nos permitem avaliar os mecanismos de interação microbiana no microcosmo do solo.

No solo, uma única célula dá origem a uma população (Figura 6). Populações metabolicamente semelhantes formam grupos chamados de funcionais, e esses grupos funcionais, desempenhando processos fisiológicos complementares e interagem para formar comunidades microbianas. Por sua vez, essas comunidades microbianas interagem com comunidades de macrorganismos, para definir o ecossistema em sua plenitude.

Podemos definir grupos funcionais como um grupo de populações de microrganismos que participa de um mesmo processo de transformação de um dado nutriente no solo, sendo que uma mesma população de microrganismo pode participar de uma etapa de um ou mais ciclos bigeoquímicos (Figura 7). Como exemplo, podemos citar o grupo funcional de microrganismos celulolíticos. Ao inocular uma suspensão de solo em uma placa de Petri com meio seletivo para microrganismos celulolíticos, em que a única fonte de carbono é a celulose, serão observadas várias colônias formadoras de halo de degradação compostas por várias espécies de fungos, actinomicetos e bactérias, geralmente nessa ordem numérica decrescente.

A biodiversidade dos fungos, actinomicetos e bactérias que formam este grupo funcional são parâmetros secundários, quando o objeto de estudo é avaliar a funcionalidade do ciclo biogeoquímico.

Tabela 2. Efeito de diversas PGMs na comunidade microbiana do solo (Kowalchuk et al., 2003)

PGM	Modificação	Efeito
Alfafa	Glucanase ácida (Aglu 1) e quitinase básica de arroz (RCH 10)	Não apresentou efeitos na nodulação e não foi deletério para os fungos fitopatogênicos <i>Stemphylium alfalfae</i> ou <i>Colleotrichum trifolii</i>
Alfafa	α -amilase	Modificou a comunidade de bactérias na raiz
Algodão	Produção da endotoxina do <i>Bacillus thuringiensis</i> var <i>kurstaki</i>	Aumentou a população de bactérias e fungos
Batata	Produção de lisozima T4	Diminui a população de <i>Bacillus subtilis</i> nos pêlos radiculares; não influencia a microbiota da rizosfera; não foi observado efeito em bactérias associadas à raiz
Batata	<i>Barnase/Barnstar</i> e gene <i>gus</i>	Efeitos na interação espaço x tempo sobre a composição da comunidade microbiana
Beterraba açucareira	Resistência a kanamicina e ao glifosinato de amônia	O DNA transgênico foi encontrado por vários meses no solo no campo
Canola	Tolerância ao glufosinato de amônia e ao glifosate	Baixo efeito nas comunidades microbianas; Perfis fenotípicos avaliados pelo FAME e Biolog de microrganismos endofíticos e rizosféricos foram diferentes da variedade não OGM; Diminuiu a diversidade de bactérias endofíticas nas raízes
<i>Medicago truncatula</i>	<i>Agrobacterium rhizogenes</i> transformado Gus A e npt II	Raízes transformadas tiveram boa nodulação com <i>Sinorhizobium meliloti</i> e boa colonização com micorriza arbuscular (MA) <i>Glomus intraradices</i>
Milho	Produção endotoxina (Cry1 Ab) de <i>B. thuringiensis</i> var <i>kurstaki</i>	Lignina da PGM foi degradada mais rapidamente e a população de bactérias nas fezes de <i>Porcellio scaber</i> alimentado com milho Bt era 60% menor do que nas fezes de <i>P. scaber</i> alimentado com milho híbrido; Não foi observado efeito deletério nas populações de minhoca, nematóides, protozoários, bactérias e fungos
Milho	Gene Pat para resistência ao glufosinato	Não foi observado efeito deletério na diversidade ou composição das comunidades microbianas na rizosfera
Tabaco	Quitinase	Efeito deletério sobre os fungos micorrízicos arbusculares
Tabaco	Expressão de proteínas anti-fúngicas	Não afetou a colonização das raízes por fungo MA <i>G. mosseae</i>
Tabaco	Biossíntese de lignina	A lignina de PGM foi decomposta mais rapidamente
Tabaco	Inibidor de proteinase	Diminuiu a população de nematóide, e microartrópodos, não teve efeito na respiração microbiana

5. A rizosfera de uma planta geneticamente modificada

Como foi visto até o momento, os microrganismos também atuam na ciclagem de nutrientes e consequentemente na nutrição e saúde das plantas. Quando a comunidade microbiana na rizosfera das plan-

tas está em equilíbrio, os grupos de microrganismos interagindo entre si participam em seu potencial máximo na nutrição e proteção da planta e na saúde do solo. Entretanto, esse equilíbrio pode ser rompido, principalmente nos sistemas agrícolas intensivos, devido a vários fatores que não serão abortados aqui.

Desde que Cohen & Boyer inici-

aram a era da modificação genética nos anos 70, a idéia do uso de organismos geneticamente modificados é cercada de expectativas e apreensões. A primeira planta modificada foi obtida há mais de 15 anos, e desde o início inúmeras técnicas têm sido desenvolvidas para a introdução de vários genes em um grande número de plantas. A maioria das plan-

tas geneticamente produzida até o momento é produtora de alimentos (milho, soja, batata, canola e arroz) e de plantas não alimentícias (algodão, plantas ornamentais, tabaco). No entanto, estas modificações genéticas visam diretamente a proteção da planta ou a melhora do processo de cultivo. Até o momento, muitos críticos das PGMs as vêem como contaminantes em potencial do meio ambiente devido aos novos produtos metabólicos por elas produzidos. É verdade que a liberação destas plantas deve ser feita após criteriosa avaliação de risco ao meio ambiente, à saúde animal e humana, mas não se pode desprezar o potencial que existe nesta tecnologia para melhorar a prática agrícola em vários aspectos.

No solo, os efeitos das plantas engenheiradas são muito pouco estudados, apesar de ser grande o conhecimento da importância de vários grupos de microrganismos para a nutrição e proteção da planta e também na ciclagem de nutrientes. Os microrganismos são responsáveis pela maioria da biomassa, excluindo as raízes, e pela atividade metabólica (respiração), além de participarem ativamente dos ciclos biogeoquímicos e na ciclagem da matéria orgânica.

PGMs influenciam a micro e microbiota na rizosfera e certamente os novos produtos metabólicos produzidos devido à introdução de novos genes vão influenciar a comunidade microbiana da rizosfera. Neste sentido, o importante é determinar se o efeito é positivo ou negativo e dimensionar quanto estes produtos influenciam. Apesar de serem poucos os experimentos realizados até o momento, é grande o impacto dessas plantas na microbiota do solo que consome os novos produtos metabólicos liberados pelas PGMs. Kowalchuk et al. (2003), em uma revisão, descreve os efeitos das PGMs na microbiota do solo. Como pode ser observado na Tabela 2, os estudos de impacto têm resultados muito variáveis, cada planta e cada gene introduzido tem diferentes efeitos na comunidade microbiana da

rizosfera.

Uma estratégia interessante que possa influenciar de forma positiva os grupos funcionais de microrganismos na rizosfera é a produção de PGMs com a rizosfera engenheirada para selecionar microrganismos benéficos na sua rizosfera, alterando assim sua função para benefício do meio ambiente, da nutrição e saúde da planta (Figura 8). Métodos clássicos e de biologia molecular ainda não permitem um profundo estudo de monitoramento da rizosfera. No entanto, várias propostas neste sentido têm surgido, aumentando o interesse pelo estudo da biologia das raízes, da rizosfera e das interações entre rizosfera e microrganismos.

Engenheirar a rizosfera requer novas técnicas para introduzir e regular a expressão de novos genes, assim como compreender a expressão dos genes nos tecidos radiculares e de promotores que regulam as células em tecidos específicos da raiz. A camada mais externa de células da raiz poderia ser um alvo a ser engenheirado, pois está em contato direto com o solo e influencia diretamente na rizosfera. Esta camada é bastante promissora para a modificação genética porque é formada por um tipo de tecido diferente das demais partes da planta, expressa um único complemento de genes e se mostra adaptada a mediar os processos da rizosfera. Tais PGMs, por exemplo, poderiam ser alteradas para apresentar mais sítios específicos para microrganismos simbiotes tais como fungo MA e rizóbios, ou ainda serem mais eficientes em absorver P e/ou fixarem N por si próprias. Também poderiam produzir e excretar através dos seus exsudatos fatores de crescimento que estimulariam grupos funcionais de microrganismos que atuam em etapas chave dos diferentes ciclos biogeoquímicos.

A produção e liberação de sinais químicos para a expressão de genes introduzidos em microrganismos GM a serem disseminados no solo também poderia ser uma excelente ferramenta para o controle da expressão desses genes, os quais poderiam ser ativados em diferentes etapas do

crescimento da planta, conforme a conveniência.

6. Considerações finais

Os efeitos dos OGM no ambiente e mais especificamente sobre a comunidade microbiana do solo ainda são pouco conhecidos, de modo que os potenciais riscos e impactos ambientais somente poderão ser conhecidos após uma avaliação criteriosa desses novos genes e seus produtos no ambiente. Por outro lado, o potencial desta tecnologia pode fazer com que as plantas tenham papel importante na revitalização da microbiota do solo, recuperando assim a fertilidade e suas propriedades físico-químicas, tornando a agricultura uma atividade menos impactante do meio ambiente. É claro que, mesmo tendo genes que possam beneficiar o meio ambiente, estas plantas e eventuais microrganismos devem obrigatoriamente ser avaliados quanto ao impacto que possam causar à funcionalidade do ecossistema.

Referências

- Borém, A. *Biotecnologia e Meio Ambiente*. Viçosa: UFV, 2004. 325 p.
- Callaway, R.M.; Thelen, G.C.; Rodriguez, A.; Holben, W.E. Soil biota and exotic plant invasion. *Nature*, 427:731-733, 2004.
- Kowalchuk, G.A.; Bruinsma, M.; van Veen, J.A. Assessing responses of soil microorganisms to GM plants. *Trends in Ecology and Evolution*, 18:403-410, 2003.
- O'Connell, K. P.; Goodman, R.M.; Handelsman, J. Engineering the rhizosphere: expressing a bias. *Trends in Biotechnology*, 14:83-88, 1996.
- Phillips, D.A.; Streit, W.R. Modifying rhizosphere microbial communities to enhance nutrient availability in cropping systems. *Field Crops Research*, 56:217-221, 1998.
- Rengel, Z. Genetic control of root exudation. *Plant and Soil*, 245:59-70, 2002.
- Varma, A.; Abbott, L.; Werner, D.; Hampp, R. (Eds.) *Plant Surface Microbiology*. Berlin: Springer, 2004. 628 p.