



DIVERSIDADE GENÉTICA DA COMUNIDADE DE MICRORGANISMOS DA RIZOSFERA DE GENÓTIPOS DE MILHO E SORGO CULTIVADOS EM CONDIÇÕES DE CAMPO SOB DIFERENTES FONTES E NÍVEIS DE FÓSFORO

Campolino, M.L.^{1,2}; Lana, U.G.P.²; Coelho, A.M.²; Gomes, E.A.²; de Sousa, S. M.^{1,2}

¹Programa de Pós-graduação em Bioengenharia, Universidade Federal de São João del-Rei, São João del-Rei, MG, Brasil. ²Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil. E-mail: mlcampolino@hotmail.com

Os fertilizantes químicos têm sido fundamentais para a intensificação da agricultura. Entretanto, eles também contribuem para poluição generalizada por nutrientes, além de aumentarem os custos de produção. Os cereais recebem quase metade das aplicações de fertilizantes fosfatados no mundo. Sendo assim, a eficiência de uso do fósforo (P) dos fertilizantes fosfatados deve ser aumentada, visando uma agricultura mais sustentável e uma alternativa é utilizar fontes menos solúveis de P associadas a genótipos mais eficientes. Além disso, a simbiose entre plantas e fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e/ou bactérias solubilizadoras de P pode contribuir para aumentar a aquisição e o crescimento das plantas cultivadas. Desse modo o objetivo desse estudo foi avaliar a diversidade genética da população de FMA e bactérias da rizosfera de genótipos de milho e sorgo cultivados sob diferentes fontes e níveis de P. Quatro genótipos de milho e quatro de sorgo foram cultivados em condições de campo na safra de 2016/17, sob três fontes de P, totalmente solúvel (superfosfato triplo), parcialmente solúvel (fosfato reativo - Bayóvar) e insolúvel (fosfato de rocha - Itafós) e três doses de P, 0, 50 e 100 Kg de P₂O₅ ha⁻¹. Amostras de solo rizosférico e solo não rizosférico (controle) foram coletados na época do florescimento e analisadas pela técnica de T-RFLP (polimorfismo de comprimento de fragmentos terminais de restrição). Dentro de cada cultura, o genótipo e o tipo de fonte fosfatada não interferiram significativamente na comunidade microbiana. Porém, foi verificado o efeito da dose de P dentro de cada fonte fosfatada na estruturação da comunidade microbiana, com formação de três grupos distintos, tanto para FMA quanto para bactérias. Esses resultados sugerem que a disponibilidade de P é o fator predominante na estruturação das comunidades bacterianas e FMA na rizosfera de milho e sorgo nos genótipos avaliados.

Palavras chaves: T-RFLP, Fungos micorrízicos arbusculares, Comunidade bacteriana, *Zea mays*, *Sorghum bicolor*

Apoio financeiro: Embrapa, CNPq, Fapemig, Capes.