



TRABALHOS SELECIONADOS PARA PÔSTER

02/10/2017 – 17:45

ÁREA: AMBIENTAL

Número: 089

EFEITO DA ADUBAÇÃO FOSFATADA SOBRE A DIVERSIDADE DA COMUNIDADE BACTERIANA DE MILHO

Abreu, C.S.¹; Gomes, E.A.²; Oliveira, J.C.M.D.¹; Silva, U.C.³; Oliveira, C.A.²; Coelho, A.M.²; Lana, U.G.P.²; Santos, V.L.³; Góes-Neto, A.¹; Stoianoff, M.A.R.¹.

¹Laboratório de Micologia, Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biológicas, UFMG, Belo Horizonte, MG. ²Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. ³Laboratório de Microbiologia Aplicada, Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biológicas, UFMG, Belo Horizonte, MG. E-mail: crisiaabreu@gmail.com

Micro-organismos solubilizadores de fósforo (MSP) podem ser utilizados como alternativa para otimizar a eficiência na utilização de fósforo (P), principalmente por serem eficientes na biossolubilização de rochas fosfáticas no sistema solo-planta. Este trabalho objetivou investigar o perfil da comunidade bacteriana rizosférica e não rizosférica de milho, cultivado com diferentes fontes de fosfato. O experimento de campo foi conduzido utilizando-se delineamento em blocos casualizados com 4 repetições, sendo os tratamentos constituídos das adubações de P no plantio: Super Fosfato Triplo (SFT), Fosfato de Rocha Itafós (FRI), Fosfato Reativo Bayóvar (FRB) e tratamento testemunha sem adição de fosfato. Foram coletadas amostras de solo rizosférico e não rizosférico do milho no estágio de floração. O DNA extraído do solo foi amplificado utilizando *primers* para o gene ribossomal 16S. Os amplicons foram sequenciados na plataforma Miseq da Illumina e comparados com banco de dados para inferir a taxonomia. Os menores e maiores valores de riqueza de OTUs (Unidades Taxonômicas Operacionais) observadas foram, respectivamente, com SFT no solo não rizosférico e controle no solo rizosférico. De acordo com o índice de Chao1, a menor e maior riqueza de espécies foi observada, respectivamente, para SFT no solo não rizosférico e no tratamento controle do solo rizosférico. Para o nível taxonômico de filo, observou-se predominância de Proteobacteria em todas as amostras, o que pode ser explicado pelo fato do filo Proteobacteria ser um dos maiores do domínio Bacteria, incluindo mais de duzentos gêneros e conseqüentemente uma maior diversidade, além de abundância. Estes resultados sugerem que tanto a riqueza quanto a abundância relativa de OTUs observadas são similares em cada um dos grupos formados.

Palavras-chave: metabarcoding, metagenômica, comunidade microbiana, ecologia.

Apoio financeiro: CAPES, Embrapa Milho e Sorgo, UFMG, CNPq, FAPEMIG.