

## Coinoculação afeta emissão de GEE e população microbiana em rizosfera de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivado em sistema ILP

Wilker Alves de Araujo<sup>1</sup>, Raquel Neves de Mello, Josiane Barros Chiaramonte, Matheus Mentone de Britto Siqueira, Beata Emöke Madari e Márcia Thaís de Melo Carvalho

<sup>1</sup> Graduando em Agronomia (UFG), bolsista PIBIC (CNPq/Embrapa Arroz e Feijão), Santo Antônio de Goiás – GO.  
E-mail: wilker.agronomiaufg@gmail.com

**Resumo** - O objetivo do estudo foi avaliar o efeito da coinoculação sobre a emissão de gases de efeito estufa (GEE) e a estrutura da população microbiana da rizosfera de feijoeiro. Para isso, um experimento foi implantado em faixas dentro de um sistema integrado lavoura-pecuária (ILP) de 8 ha, onde o feijão-comum super precoce (BRS FC104) foi cultivado entre 24 de outubro de 2019 e 03 de janeiro de 2020. Os tratamentos consistiram de: sem coinoculação e sem aplicação de N (REF); coinoculação com bactérias fixadoras de N (*Rhizobium* sp. e *Azospirillum* sp.) (INOC); coinoculação e adubação com 119 kg N ha<sup>-1</sup> (INOC+119N); adubação com 65 kg N ha<sup>-1</sup> (65N); e adubação com 102 kg N ha<sup>-1</sup> (102N). Os fluxos de GEE do solo foram monitorados por meio de câmaras estáticas manuais ao longo da safra. A emissão total (ET) foi calculada como a integração dos fluxos diários medidos no período. As amostras para análise do microbioma da rizosfera foram coletadas no estágio de pleno florescimento, consistindo em quatro amostras compostas por tratamento, as quais foram submetidas a sequenciamento metagenômico da região V3V4 do gene 16S (iniciadores 341F e 806R). A ET de óxido nitroso (N<sub>2</sub>O) foi significativamente menor ( $p < 0,05$ , F-value: 7,36) no tratamento INOC (0,69 kg ha<sup>-1</sup>) do que nos demais tratamentos. Pelo contrário, a ET de metano (CH<sub>4</sub>) foi significativamente maior ( $p < 0,05$ , F-value: 2,15) no tratamento INOC (1,30 kg ha<sup>-1</sup>) e INOC+119N (0,55 kg ha<sup>-1</sup>) do que nos demais tratamentos. Análise de microbioma mostrou que a coinoculação separou os tratamentos de forma significativa (PCA,  $p < 0,04$ ). Três gêneros (*Virgisporangium*, *Pilimelia* e *Pseudonocardia*), todos da classe Actinobacteria, foram enriquecidos (DeSeq2, FDR  $p < 0,05$ ) e apresentaram maior abundância no tratamento 102N em comparação com o tratamento INOC, enquanto *Pseudomonas* (classe Gammaproteobacteria) apresentou abundância reduzida (DeSeq2, FDR  $p < 0,05$ ) no tratamento 102N em comparação com todos os demais tratamentos.

Termos para indexação: biodiversidade do solo, metano, óxido nitroso, Cerrado.