



XIV Simpósio dos Pós-graduandos no CENA



**Antropoceno:
Desafios e Soluções para um Futuro Sustentável**
21 a 22 de setembro de 2023

Influência da espécie arbórea na abundância diferencial de procariotos do solo em sistemas silvipastoris na Amazônia Ocidental

H.N. Cipriani^{1,2}; A.K.D. Salman²; E.C. Souza³; T.A. Pellegrinetti¹; P.G. Cruz²; S.M. Tsai¹

¹Centro de Energia Nuclear na Agricultura – CENA/USP, Piracicaba/SP

²Embrapa Rondônia, Porto Velho/RO

³Universidade Federal de Rondônia – UNIR, Porto Velho/RO

e-mail do autor de correspondência: henrique.cipriani@embrapa.br

PALAVRAS-CHAVE: IPF, microbioma do solo, PCoA, bordão-de-velho

O microbioma desempenha papel fundamental na manutenção da saúde do solo; portanto, é essencial desenvolver sistemas produtivos que influenciam positivamente sua composição e funções. Os sistemas de integração pecuária-floresta (IPF) podem ser considerados uma alternativa sustentável para a produção agropecuária na Amazônia, mas seus efeitos sobre o microbioma do solo precisam ser investigados. O objetivo deste trabalho foi avaliar o microbioma do solo, com ênfase na abundância diferencial de arqueias e bactérias, em sistemas IPF localizados no campo experimental da Embrapa Rondônia em Porto Velho, RO. Em julho de 2022, amostras de solo nas camadas de 0-10 e 10-20 cm foram coletadas numa área sob influência das árvores (próxima ao tronco) e em outra distante 5,25 m da linha de plantio em dois sistemas IPF implantados em fevereiro de 2018 sobre pastagem (*Urochloa brizantha* cv. Marandu) estabelecida há mais de 30 anos, além de uma área de floresta nativa (FN) próxima. Um dos sistemas (IPFs) foi formado com a espécie nativa *Samanea tubulosa*, e outro (IPFe), com *Eucalyptus pellita* clonal. No total, 43 amostras foram analisadas, abrangendo as áreas, as profundidades e as distâncias em relação às árvores. O DNA ambiental foi extraído e a região V3-V4 do gene 16S rRNA foi amplificada e sequenciada utilizando a plataforma Illumina NovaSeq (Illumina, Inc., San Diego, CA, USA). As sequências pré-processadas foram agrupadas em OTUs e classificadas taxonomicamente utilizando o banco de dados Silva 138.1 na plataforma online Shamon. A análise de coordenadas principais foi feita utilizando a distância de Bray-Curtis, revelando diferenças significativas (PERMANOVA $p < 0,05$) entre o microbioma das áreas e entre as distâncias, mas não na estrutura da comunidade entre profundidades. Entre os sistemas IPF, a análise de abundância diferencial permitiu observar 57 gêneros prevalentes no IPFe, incluindo *Acidisphaera*, *Aeromonas*, *Paradevosia* e *Vibrio*, e 79 gêneros, como *Candidatus Nitrotoga*, *Parasutterella*, *Virgisporangium* e *C. Nitrosopumilus*, prevalentes no IPFs. Com relação à distância, 22 gêneros se diferenciaram no IPFs e 111 no IPFe, sendo *C. Nitrosopumilus* o mais distinto em ambos, com maior presença próximo às árvores. Os sistemas IPF apresentaram aumento proporcional em 171 gêneros, comparados à FN, com destaque para *C. Nitrosopumilus* e *C. Nitrotoga*. A maior homogeneidade entre distâncias no IPFs pode ser devido ao maior diâmetro de copa de *S. tubulosa* que o eucalipto. *C. Nitrosopumilus* e *C. Nitrotoga* são microrganismos importantes no processo de nitrificação. Sua maior abundância no IPFs pode ser devido à fixação de N por *S. tubulosa*, e sua maior abundância próximo às árvores nos sistemas, indica maior aproveitamento do N no local, comparado à braquiária, do IPFb, em relação ao IPFe, e de ambos os sistemas, em relação à FN.

Agradecimentos: Ao BNDES/Fundo Amazônia, à FAPERO e à CAPES, pelos auxílios financeiros.