

**Poster (Painel)****628-2 QUANTIFICAÇÃO DE GENES-CHAVE RELACIONADOS O CICLO DE NITROGÊNIO MICROBIANO EM RIZOSFERA PLANTAS DE ARROZ (*Oryza sativa*) CULTIVAR BRSMG CURINGA TRATADAS COM DIFERENTES TIPOS DE BIOCARVÃO.**

**Autores:** Deborah C. de A. Leite (UFRJ - Universidade Federal do Rio de Janeiro / CNPS - Embrapa Solos) ; Fabiano de Carvalho Balieiro (CNPS - Embrapa Solos) ; Beata Eموke Madari (CNPq - Embrapa Arroz e Feijão) ; Alexandre Soares Rosado (UFRJ - Universidade Federal do Rio de Janeiro) ; Heitor Luiz C. Coutinho (CNPS - Embrapa Solos) ; Raquel Silva Peixoto (UFRJ - Universidade Federal do Rio de Janeiro)

**Resumo**

A cultura de arroz se destaca no Brasil por fazer parte da dieta de quase 100% da sua população, todavia sua produção é bastante dependente de adubação nitrogenada. O biocarvão pode ser usado como um condicionador do solo sendo capaz de influenciar a estrutura, porosidade, granulometria e densidade do solo e ainda, alterar a capacidade de armazenamento de água e a dinâmica nutricional e microbiana no solo. Assim, este trabalho teve por objetivo avaliar o efeito do uso de diferentes tipos biocarvão de na abundância de populações bacterianas relacionadas ao ciclo do N associadas à rizosfera de plantas de arroz (*Oryza sativa* L.) cultivar BRSMG Curinga. O experimento foi conduzido na Embrapa Arroz e Feijão em casa de vegetação no município de Santo Antônio de Goiás – GO. Os tratamentos seguiram um delineamento inteiramente casualizado, com desenho fatorial 4 x 2, sendo um dos fatores o biocarvão pirolisado de diferentes formas (B1: biocarvão de madeira *Eucalyptus* sp. em pirólise lenta, B2: biocarvão de palha de cana-de-açúcar em pirólise rápida, B3: biocarvão de madeira *Eucalyptus* sp. em pirólise rápida) e outro fator a presença e ausência de fertilizante (F). Foi adicionado um tratamento testemunha apenas com areia (T). As plantas foram coletadas após 80 dias. O DNA da areia rizosférica foi extraído por lise direta de acordo com as normas do fabricante do *PowerSoil®DNA Isolation Kit* (Mobio, Inc.). A abundância genética de populações bacterianas envolvidas no ciclo do N presentes na rizosfera do arroz foi avaliada através de qPCR. A abundância de bactérias nitrificantes foi influenciada significativamente pela presença do biocarvão, do fertilizante e, pela interação de ambos. Entretanto, não foi possível observar o efeito sinérgico do biocarvão e do fertilizante sobre as populações de bactérias desnitrificantes e fixadoras de N<sup>2</sup>. A população de bactérias nitrificantes aumentou nos tratamentos com biocarvão fertilizado, sendo o maior aumento para o tratamento B3. A população de bactérias desnitrificantes foi reduzida nos tratamentos B2 e aumentada nos tratamentos B3. Nos tratamentos fertilizados (F1) ocorreu um aumento significativo no número as cópias do gene *nirK* com relação ao controle não fertilizado (F0). Com relação à população de bactérias fixadoras de N<sup>2</sup>, as misturas do tratamento B3 apresentaram a maior abundância dentre os demais tratamentos. Houve um aumento destas populações em todos os tratamentos não fertilizados (F1). Estes dados corroboram com dados atuais de que a adição de alguns tipos de biocarvão ao solo aumentam o crescimento de organismos envolvidos na ciclagem de N no solo, especificamente aqueles que podem diminuir o fluxo de N<sup>2</sup>O pela redução da desnitrificação.

**Palavras-chave:** Ciclo do N, arroz, Biocarvão, qPCR