

## Diversidade microbiana da rizosfera de milho inoculado com bactérias solubilizadoras de fosfato e cultivado sob diferentes condições de fertilização fosfatada<sup>(1)</sup>

Jonnathan Whiny Moraes dos Santos<sup>(2)</sup>, Flavia Cristina dos Santos<sup>(3)</sup>, Christiane Abreu de Oliveira Paiva<sup>(3)</sup>, Ubiraci Gomes de Paula Lana<sup>(4)</sup>, Eliane Aparecida Gomes<sup>(3)</sup>, Isabela Figueiredo de Oliveira<sup>(5)</sup>, Raquel Gomes de Oliveira<sup>(5)</sup>, Sylvia Moraes de Sousa<sup>(3)</sup>

<sup>(1)</sup> Trabalho realizado com apoio da Embrapa, CNPq, Fapemig e FNDCT/FINEP/Rede FertBrasil (Convênio 01.22.0080.00, Ref. Finep 1219/21). <sup>(2)</sup> Bolsista, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. <sup>(3)</sup> Pesquisador(a), Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. <sup>(4)</sup> Analista, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. <sup>(5)</sup> Doutorando(a), Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ), São João del-Rei, MG.

**Resumo** — A aplicação de inoculantes microbianos representa uma estratégia chave na intensificação ecológica da agricultura. As cepas bacterianas solubilizadoras de fosfato, CNPMS B119 e CNPMS B2084, têm demonstrado eficácia em condições de campo. No entanto, é crucial avaliar seus impactos sobre a microbiota do solo sob diversas condições de cultivo. Este estudo avaliou o impacto da inoculação dessas bactérias no cultivo de milho em solo argiloso, utilizando diferentes doses de adubação fosfatada. O experimento foi conduzido em Sete Lagoas - MG em 2023, utilizando delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições. Os tratamentos foram aplicação ou não do bioinoculante BiomaPhos®, que contém as cepas de *Bacillus* CNPMS B119 e CNPMS B2084, combinados com a adição de fosfato de rocha e superfosfato triplo nas doses de 0, 60, 120 e 180 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>. A diversidade genética foi avaliada durante o florescimento através de polimorfismo de tamanho de fragmentos de restrição (T-RFLP) das regiões 16S rDNA (bactérias) e 18S rDNA (fungos), sendo os grupos taxonômicos identificados utilizando MiCA3. Os resultados mostraram diferenças significativas na diversidade genética bacteriana entre as amostras inoculadas e não inoculadas em todos os tratamentos de adubação fosfatada e doses testadas. Os filos bacterianos mais abundantes foram *Actinomycetota*, *Bacillota* e *Pseudomonadata*. As interações entre inoculação e dose de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, bem como entre inoculação e fonte de fosfato em todas as doses, apresentaram diferenças significativas. Os índices de diversidade de Shannon e Simpson destacaram-se apenas nos tratamentos com inoculação. Para os fungos, observou-se uma interação significativa entre inoculação e fosfato de rocha nas doses 0 e 60 kg ha<sup>-1</sup>, e para o superfosfato triplo, houve impacto significativo da inoculação nas doses de 60 e 120 kg ha<sup>-1</sup>. As análises indicaram diferenças significativas envolvendo inoculação e as fontes de fosfato para todas as doses de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> avaliadas.

**Termos para indexação:** bactérias promotoras de crescimento de plantas, bioinoculante, fósforo, fungos, T-RFLP.