

**Poster (Painel)****1893-1 Influência do pH do solo na comunidade de fungos micorrízicos arbusculares associada a raízes de milho contrastantes para eficiência no uso de fósforo**

**Autores:** Eliane Aparecida Gomes (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo) ; Christiane Abreu de Oliveira (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo) ; Ubiraci Gomes de Paula Lana (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo) ; Roberto Willians Noda (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo) ; Ivanildo Evódio Marriel (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo) ; Francisco Adriano de Souza (CNPMS - Embrapa Milho e Sorgo)

**Resumo**

Os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) têm uma importante função na aquisição e mobilização de nutrientes do solo, principalmente fósforo (P), pois formam uma extensa malha de hifas, que se estendem a partir das raízes, permitindo à planta explorar um grande volume de solo, superando limitações impostas pela baixa difusão de P. Este trabalho teve como objetivo caracterizar a população de FMA presente nas raízes de duas linhagens de milho contrastantes para eficiência no uso de fósforo, cultivadas em solos com pH 4,9 (baixo) e 6,1 (corrigido). A análise da diversidade dos fungos micorrízicos nas amostras foi efetuada a partir da extração de DNA das raízes, PCR de DNA ribossomal (rDNA) com primers específicos para FMA, clonagem desses fragmentos e posterior sequenciamento do DNA. A identidade das sequências foi determinada por meio da ferramenta BLAST N. Os cálculos do número de Unidades Taxonômicas Operacionais (UTOs), estimador ACE e do índice de diversidade de Shannon-Wiener foram realizados pelo programa Mothur. Adicionalmente, a cobertura e a equitabilidade das bibliotecas foram também calculadas. Foram obtidas quatro bibliotecas L3AS, L22AS, L3CS e L22CS utilizando-se as linhagens L3 e L22 cultivadas em solos com baixo pH (AS) e pH corrigido (CS), totalizando 845 sequências de boa qualidade, das quais 547 pertenciam ao grupo dos Glomeromycota. Estas sequências foram agrupadas, a 97% de similaridade, em 86 OTUs, sendo 34 delas sequências únicas, representadas, principalmente pelo gênero *Glomus* (66,7%), seguido de *Scutellospora* (19,3%), *Gigaspora* (9,6%) e *Acaulospora* (2,8%). As demais sequências (243) atribuídas ao grupo dos Ascomycota, foram predominantes na biblioteca L3CS (126 clones). O estimador ACE revelou os seguintes valores: 54, 36, 56 e 81 com cobertura de 89% para bibliotecas L3AS e L3CS e 91% e 90% para bibliotecas L22AS e L22CS, respectivamente. A biblioteca L22AS apresentou a maior riqueza para os estimadores ACE e para o índice de Shannon-Wiener (2,96). Por outro, o valor de equitabilidade que mostra a distribuição dos indivíduos entre as espécies, foi maior na biblioteca L3CS (0,86). Estes resultados mostram que a interação entre os genótipos de milho e o pH do solo afetam diferentemente a estrutura das comunidades de FMA das raízes de milho.