

**TAXA RELACIONADOS AOS FLUXOS DE N<sub>2</sub>O A PARTIR DO SOLO COM  
DIFERENTES PRÁTICAS DE MANEJO COM CANA-DE-AÇÚCAR:  
DESCOBRINDO REDUTORES DE N<sub>2</sub>O A N<sub>2</sub>**

**Pitombo, L.M.<sup>1,2,3</sup>; Carmo, J.B.<sup>2</sup>; Cantarella, H.<sup>3</sup>; de Hollander, M.<sup>1</sup>; Lópes, M.V.<sup>4</sup>;  
Rossetto, R.<sup>3</sup>; van Veen, J.A.<sup>1</sup>; Kuramae, E.E.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Netherlands Institute of Ecology – Dep. Microbial Ecology - E-mail: lpitombo@hotmail.com; <sup>2</sup>Universidade Federal de São Carlos – Dep. Ciências Ambientais; <sup>3</sup>Instituto Agronômico – Centro de Solos e Recursos Agroambientais; <sup>4</sup>Universidade de São Paulo – Dep. Solos e Nutrição de Plantas.

A caracterização da comunidade microbiana produtora e redutora de N<sub>2</sub>O é uma linha de pesquisa promissora para reduzir as concentrações do gás na atmosfera. Neste trabalho, foram determinados os fluxos de N<sub>2</sub>O a partir do solo com cana-de-açúcar sob diferentes práticas de manejo, assim como foi caracterizada a estrutura da comunidade microbiana para determinar quais são os principais grupos relacionados com tais emissões *in situ*. Foram utilizadas 5 combinações de fertilizantes [controle de nitrogênio, NH<sub>4</sub>NO<sub>3</sub>, vinhaça, NH<sub>4</sub>NO<sub>3</sub> + vinhaça, vinhaça concentrada] e esses tratamentos adicionados ou não de palha. Nos primeiros 60 dias, 31 coletas foram realizadas. Baseando-se nos resultados de N<sub>2</sub>O, 8 datas foram escolhidas para caracterização da comunidade microbiana. Foi utilizada a plataforma 454 (Roche) para acessar a estrutura de Archaea e Bacteria pelo gene 16S rDNA (região V4, primers 515F and 806R; LIB-L kit para sequenciamento unidirecional). A Análise Diferencial de OTUs mostrou o efeito dos tratamentos sobre 423 OTUs. Destes, 31 pertencem a Acidobacteria; 46 a Actinobacteria; 29 a Bacteroidetes; 24 a Chloroflexi; 58 a Firmicutes; 13 a Gemmatimonadetes; 3 a Nitrospirae; 8 a Planctomycetes; 124 a Proteobacteria; 2 a Thaumarcheota; 3 a Thermotogae; 5 a Verrucomicrobia; e 77 são não classificados ou pertencem a outros filos. Modelos Lineares Generalizados Mistos demonstraram que 26 OTUs explicam os fluxos de N<sub>2</sub>O a partir do solo. *Anaeromyxobacter* spp., um promissor redutor de N<sub>2</sub>O a N<sub>2</sub>, é representado por 3 OTUs. Taxa relacionados com a aplicação da vinhaça (*Lactobacillus* e *Leuconostoc*) também auxiliam a explicar os fluxos de N<sub>2</sub>O a partir do solo, assim como outros taxa reconhecidamente desnitrificantes pertencentes as ordens Xanthomonadales e Burkholderiales de Proteobacteria. Este trabalho aponta quais são os taxa relacionados com as emissões de N<sub>2</sub>O e esses grupos podem ser explorados quanto a sua capacidade de reduzir o gás a N<sub>2</sub>.

**Agradecimento:** CAPES/NUFFIC (037/2012), FAPESP (2012/50694-6).

**Palavras-chave:** óxido nitroso; *Anaeromyxobacter*; Modelos Lineares Generalizados Mistos.