

# RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)  
autor(a), o texto completo desta tese  
será disponibilizado somente a partir  
de 06/02/2024.

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP CÂMPUS DE  
JABOTICABAL**

**ESTOQUE DE CARBONO E ATRIBUTOS FÍSICOS E  
MICROBIOLÓGICOS DO SOLO EM SISTEMA DE  
SEMEADURA DIRETA DE LONGA DURAÇÃO**

**Henildo de Sousa Pereira**

**Engenheiro Agrônomo**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP CÂMPUS DE  
JABOTICABAL**

**ESTOQUE DE CARBONO E ATRIBUTOS FÍSICOS E  
MICROBIOLÓGICOS DO SOLO EM SISTEMA DE  
SEMEADURA DIRETA DE LONGA DURAÇÃO**

**Discente: Henildo de Sousa Pereira**

**Orientador: Prof. Dr. José Eduardo Corá**

**Tese apresentada à Faculdade de Ciências  
Agrárias e Veterinárias - Unesp, Câmpus  
de Jaboticabal, como parte das exigências  
para a obtenção do título de Doutor em  
Agronomia (Produção Vegetal).**

P436e	<p>Pereira, Henildo de Sousa</p> <p>Estoque de Carbono e Atributos físicos e microbiológicos do solo em sistema de semeadura direta de longa duração / Henildo de Sousa Pereira. -- Jaboticabal, 2023</p> <p>85 p. : tabs.</p> <p>Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal</p> <p>Orientador: José Eduardo Corá</p> <p>1. Atividade biológica. 2. Metataxonômica. 3. Sequestro de carbono. 4. Rotação de culturas. I. Título.</p>
-------	--

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

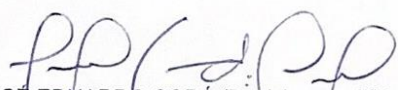
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

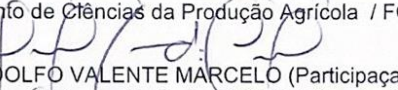
TÍTULO DA TESE: ESTOQUE DE CARBONO E ATRIBUTOS FÍSICOS E MICROBIOLÓGICOS DO SOLO EM SISTEMA DE SEMEADURA DIRETA DE LONGA DURAÇÃO

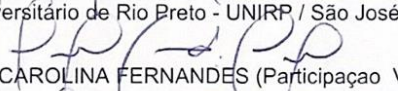
AUTOR: HENILDO DE SOUSA PEREIRA

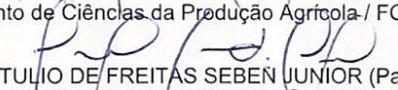
ORIENTADOR: JOSÉ EDUARDO CORÁ

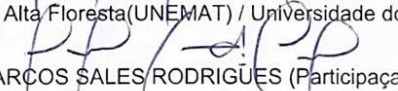
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL), pela Comissão Examinadora:

  
Prof. Dr. JOSÉ EDUARDO CORÁ (Participação Virtual)  
Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV / UNESP - Jaboticabal

  
Prof. Dr. ADOLFO VALENTE MARCELO (Participação Virtual)  
Centro Universitário de Rio Preto - UNIRP / São José do Rio Preto/SP

  
Profa. Dra. CAROLINA FERNANDES (Participação Virtual)  
Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV / UNESP - Jaboticabal

  
Prof. Dr. GETULIO DE FREITAS SEBEN JUNIOR (Participação Virtual)  
Campus de Alta Floresta(UNEMAT) / Universidade do Estado de Mato Grosso - Nova Mutum/MT

  
Prof. Dr. MARCOS SALES RODRIGUES (Participação Virtual)  
Universidade Federal do Vale do São Francisco - Univasf / Petrolina/PE

Jaboticabal, 06 de maio de 2021

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

Henildo de Sousa Pereira nascido em 29 de março de 1990 em Colinas do Tocantins -TO, possui graduação em Agronomia pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso (IFMT) – *Campus Confresa*, em 2015. Durante a graduação foi bolsista do Programa de Bolsas para Iniciação Científica (PIBIC) de 2011 a 2013. Em fevereiro de 2015 ingressou no Mestrado em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT) Câmpus de Alta Floresta, sob a orientação do Prof. Dr. Getulio de Freitas Seben Junior, onde foi bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT), concluindo em fevereiro de 2017. Em agosto de 2017 ingressou no curso de Doutorado em Agronomia (Produção Vegetal) na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Câmpus de Jaboticabal, sob orientação do Prof. Dr. José Eduardo Corá, como bolsista CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), em julho de 2019 passou a ser bolsista da FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) onde permaneceu a até a data de defesa da tese.

À Deus pela vida e saúde. Aos meus pais Manoel Pereira de Sousa e Antônia Rodrigues de Sousa. À minha irmã Enilde de Sousa Pereira, pelo apoio e incentivo. À minha amada esposa Michelle Rezende Brito.

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

À DEUS, por ser o dono da vida.

À minha família, meus pais Manoel Pereira e Antônia Rodrigues, minha irmã Enilde de Sousa, que mesmo não estando presentes sempre foram a minha fonte de inspiração para poder chegar até aqui.

À minha amada esposa Michelle Rezende Brito Pereira, por está ao meu lado sempre me apoiando.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias-FCAV, Câmpus de Jaboticabal, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal), pela oportunidade ofertada.

À toda equipe do Departamento de Ciências da Produção Agrícola, pelos ensinamentos e disponibilidade para auxiliar sempre que precisei.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processo nº 2019/10278-2.

Aos membros da banca examinadora pelas valiosas contribuições para melhoria do trabalho.

Ao Professor Dr. José Eduardo Corá, pela orientação no desenvolvimento deste trabalho, pelos ensinamentos acadêmicos e de vida. Obrigado pela sua amizade.

Aos colegas de Pós-Graduação Hugo, Almir, Vinícius e Samara, e a Jéssica bolsista de IC, pelas contribuições para a realização deste trabalho, e pelas boas conversas que sempre renderam muitas gargalhadas.

Por fim, a todos que de forma direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho e conquista deste título, **muito obrigado!**

## ESTOQUE DE CARBONO E ATRIBUTOS FÍSICOS E MICROBIOLÓGICOS DO SOLO EM SISTEMA DE SEMEADURA DIRETA DE LONGA DURAÇÃO

**RESUMO** – Espécies de plantas que compõem o sistema de semeadura direta (SSD) podem alterar o estoque de carbono EC no solo ao longo do tempo. A dinâmica do C do solo depende da diversidade dos microrganismos e da atividade de enzimas, o que sugere uma avaliação regionalizada da capacidade do solo em armazenar C a longo prazo sob diferentes usos e manejos. Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito de sequências de culturas nos atributos físicos do solo e no estoque de C do solo sob SSD de longa duração. O experimento foi implantado em 2000 e os atributos avaliados no presente trabalho em 2020. Foi utilizado o delineamento em faixas com três repetições. Os tratamentos são constituídos de três sequências de culturas de verão: monocultura de milho (MM), monocultura de soja (SS) e rotação soja/milho (SM) com cultivos intercalados de soja e milho ano a ano; e sete culturas de entressafra: milho, girassol, nabo forrageiro, milheto, guandu, sorgo granífero e crotalária, totalizando 21 tratamentos. Foi estimado a quantidade de matéria seca e C acumulado pelos resíduos ao longo da condução do experimento. Calculou-se também o EC do solo em diferentes camadas até a profundidade de 1,0 m. Dentre as 21 sequências de culturas que compõem o experimento, foram escolhidos os seis tratamentos mais contrastantes: SS-Crotalária, SS-Sorgo, MM-Crotalária, MM-Sorgo, SM-Crotalária e SM-Sorgo. Nessas parcelas foram coletadas amostras na camada de 0,0 – 0,05 m, e determinados os teores de CT, proteína do solo relacionada a glomalina em duas frações: glomalina total (GT) e facilmente extraível (GFE) em três tamanhos de agregados >2,0, 2,0-0,5 e <0,5 - 0,125 mm. A diversidade dos microrganismos foi avaliada através da extração de DNA e sequenciamento da região V4-V5 do gene 16S rRNA, para bactéria e ITS para fungos. O SSD de longa duração aumenta o EC no solo na camada de 0,00 – 0,30 m em valores superiores ao estabelecido pela iniciativa “4 per 1000” e aumenta o EC em camadas mais profundas do solo quando comparado ao plantio convencional. O cultivo de milho no verão aumenta os teores de glomalina nos agregados do solo; o cultivo de leguminosas reduz a GFE; a GT está diretamente relacionada com o DMP. A monocultura de soja no verão e crotalária no inverno, reduziu a diversidade de fungos e bactérias do solo, enquanto o cultivo de milho no verão e sorgo no inverno aumentou a diversidade fúngica do solo; rotação soja/milho aumenta a atividade enzimática do solo e a produtividade de milho e soja em SSD de longa duração, independente do teor de carbono.

**Palavras Chaves:** Atividade biológica, metataxonômica, sequestro de carbono, rotação de culturas

## CARBON STOCK AND PHYSICAL AND MICROBIOLOGICAL ATTRIBUTES OF THE SOIL IN A LONG-TERM NO-TILLAGE SYSTEM

**ABSTRACT** - Plant species that make up the no-tillage system (NT) can alter the carbon stock (CS) in the soil over time. The dynamics of soil C depends on the diversity of microorganisms and the activity of enzymes, which suggests a regionalized assessment of the capacity of the soil to store C in the long term under different uses and managements. The objective of this study was to evaluate the effect of crop sequences on the physical attributes of the soil and on the C stock of the soil under long-term SSD. The experiment was implemented in 2000 and the attributes evaluated in the present study were evaluated in 2020. A strip design with three replications was used. The experiment was implemented in 2000 and the attributes in the present study were evaluated in 2020. Carried out according to a split-block design, with three replications. The treatments consist of three sequences of summer crops: corn monoculture (CC), soy monoculture (SS) and soybean/corn rotation (SC) with intercalated soybean and corn crops year by year; and seven off-season crops: corn, sunflower, turnip, millet, pigeon pea, grain sorghum and sunn hemp, totaling 21 treatments. It was estimated the amount of dry matter and C accumulated by the residues during the conduction of the experiment. Soil EC was also calculated in different layers up to a depth of 1.0 m. Among the 21 crop sequences that make up the experiment, the six most contrasting treatments were chosen: SS-sunn hemp, SS-grain sorghum, CC-sunn hemp, CC-grain sorghum, SC-sunn hemp and SC-grain sorghum. In these plots were collected in the 0.0 - 0.05 m layer, and the contents of CT, glomalin-related soil protein were determined in two fractions: total (GT) and easily extractable (GFE) in three sizes of aggregates > 2.0, 2.0-0.5, <0.5 - 0.125 mm. The diversity of microorganisms was evaluated through DNA extraction and sequencing of the V4-V5 region of the 16S rRNA gene, for bacteria and ITS for fungi. The duration SSD increases the EC in the soil in the 0.00 - 0.30 m layer in values higher than that established by the "4 per 1000" initiative and increases the EC in deeper layers of the soil when compared to conventional planting. The cultivation of corn in the summer increases the levels of glomalin in soil aggregates; the cultivation of legumes reduces a GFE; the GT is directly related to the DMP. Monoculture of soybeans in the summer and crotalaria in the winter, reduced the diversity of fungi and bacteria in the soil, while the cultivation of corn in the summer and sorghum in the winter increased the fungal diversity of the soil; soybean / corn rotation increases the enzymatic activity of the soil and the productivity of corn and soybean in long-term SSD, regardless of the carbon content.

**Keywords:** Biological activity, metataxonomic, carbon sequestration, crop rotate

## **CAPÍTULO 1 - Considerações gerais**

### **Introdução**

Mudanças no uso e manejo do solo podem afetar de maneira significativa seus atributos químicos, físicos e biológicos. Os efeitos são mais facilmente detectados quando as mudanças no uso e manejo do solo são drásticas, como por exemplo, mudança de sistema de preparo convencional do solo para sistema de semeadura direta (SSD). Contudo, mudanças menos drásticas, como o efeito de sequências de culturas que constituem o sistema de semeadura direta, apresentam diferenças menos sensíveis. Neste último caso, exige análises mais sensíveis que permitem avaliação mais adequada das relações de causa/efeito dos sistemas de sucessão/rotação de culturas.

A qualidade do solo, decorrente do efeito das espécies de plantas que compõem o SSD ao longo do tempo, deve ser avaliada de forma mais específica, haja vista que, os efeitos das espécies de plantas sobre os atributos do solo são mais dificilmente detectados. De maneira geral, são amplamente conhecidos os benefícios que o SSD pode possibilitar aos atributos do solo. No entanto, estudos que buscam manejos alternativos do SSD, visando seu aperfeiçoamento para aumento do potencial produtivo do solo ainda são necessários. Dessa forma, avaliação da abundância e diversidade microbiana do solo pode ser uma maneira mais específica e adequada de se avaliar a dinâmica do carbono e seu efeito nos atributos do solo, comparativamente a outras variáveis como a quantidade e qualidade de resíduo deixados na superfície do solo pelas culturas (Kallenbach et al., 2016).

A redução dos teores de carbono do solo (C) é preocupação recorrente, principalmente em regiões tropicais, especialmente, pelo uso intensivo do solo e ausência de rotação de culturas nos sistemas produtivos, diminuindo assim, o seu potencial produtivo (Lal, 2003; Seben Junior et al., 2014).

Diferentes usos e manejos afetam o ciclo do C do solo, assim como seu acúmulo no perfil (Lal, 2002; Li et al., 2012) e tendendo alcançar novo equilíbrio. Solos sob vegetação nativa podem perder até 50% do C nos primeiros 20 anos, após colocados no processo produtivo com preparo convencional do solo (aração e

gradagens) (Lal, 2002). Por outro lado, sistemas conservacionistas, como SSD, podem proporcionar aumento dos teores de C do solo ao longo do tempo (Lal, 2004; Sá et al., 2013, Seben Junior et al., 2014).

O teor de C do solo, na condição de novo equilíbrio, é afetado, entre outros fatores, pela quantidade e qualidade dos resíduos vegetais deixados pelas culturas na superfície do solo. Os resíduos vegetais proporcionam diferentes habitats, resultando em mudanças na abundância e diversidade microbiana do solo e na atividade enzimática do mesmo (Nivelle et al., 2016), as quais são reconhecidas por regular vários ciclos biogeoquímicos como o do carbono e também de elementos químicos no solo (White & Rice, 2009).

A abundância e diversidade microbiana do solo, proporcionada pelo habitat em decorrência da deposição de resíduos vegetais ao longo do tempo, resultará em novo equilíbrio dos teores de C do solo, podendo ou não atingir valores próximos daqueles de antes da intervenção antrópica (vegetação nativa). Da mesma maneira, uma vez alcançado o equilíbrio, a abundância e diversidade microbiana do solo regulará a taxa de decomposição dos resíduos vegetais depositados pelas culturas, evidenciando interdependência entre ambos os fatores.

Avaliando decomposição de resíduos, Marcelo et al. (2012) observaram que a taxa de decomposição depende da sua relação C/N e que a taxa de liberação de nutrientes para o solo não é igual para todos os resíduos e/ou nutrientes. Este fato implica em diferenças nos teores de nutrientes do solo sob usos e manejos com diferentes sequências de culturas. Diferentes teores de nutrientes e carbono no solo podem afetar diretamente a abundância e diversidade da comunidade microbiana do solo e seu metabolismo, como observado por Martins et al. (2012), os quais encontraram diferentes teores de pentoses (arabinose e xilose) no solo, sob diferentes sequências de culturas em SSD, e concluíram que o fato indicava haver diferença na comunidade microbiana do solo, visto que tais açúcares são considerados fonte de energia para os microrganismos. Depreende-se do fato, portanto, a importância de se conhecer a diversidade microbiana do solo, visando previsão de alterações no estoque de carbono de maneira mais correta.

Os microrganismos do solo são fontes primárias de enzimas que atuam como mediadoras da ciclagem de nutrientes (Tabatabai, 1994). As enzimas  $\beta$ -Glicosidase,

arilsulfatase e fosfatase ácida são envolvidas no ciclo de C, S e P, respectivamente, e possuem elevada sensibilidade para diferenciar agrossistemas (Brennan e Acosta-Martinez, 2018) e podem indicar alterações no estoque de C do solo (Inagaki et al., 2016). Avaliando sistemas de plantas de cobertura, Hok et al. (2018) indicaram  $\beta$ -Glicosidase, arilsulfatase e fosfatase ácida como indicadores de qualidade do solo.

Como já mencionado, a dinâmica do C no solo é influenciada por diversos fatores, sendo a agregação um importante atributo relacionado ao acúmulo de C no solo ao longo do tempo. Os agregados protegem fisicamente o C da mineralização tornando-os em reservatórios de carbono, sendo os microagregados responsáveis pelo armazenamento do C mais estável (Six et al., 2004).

Por sua vez, a formação dos agregados do solo é influenciada por fatores como teor de argila, cátions polivalentes, óxidos de ferro e hidróxidos de Al, matéria orgânica, exsudados radiculares e ciclos de umedecimento e secagem do solo (Castro Filho et al., 1998). Contudo, outros fatores como abundância e diversidade de microrganismos, incluindo fungos micorrízicos arbusculares (FMAs), também influenciam a formação desses agregados. Tais microrganismos produzem uma glicoproteína de natureza hidrofóbica denominada glomalina (Wright e Upadhyaya, 1996), a qual atua como ligante orgânico das partículas primárias do solo (argila, silte e areia), indicando relação entre formação e/ou estabilização de agregados no solo e teor de C do solo (Fokom et al., 2012).

Segundo Sousa et al. (2012), a quantidade de glomalina, produzida pelos FMAs é influenciada pelo uso e manejo do solo incluindo, evidentemente, as espécies de plantas. Entretanto, são escassas informações na literatura referentes a relação de causa/efeito entre teor de glomalina no solo, formação de agregados e sequestro de C no solo (Wang et al., 2017). Logo, este assunto requer pesquisas mais aprofundadas a fim de que o potencial de agregação da glomalina seja mais detalhado e seus efeitos mais bem entendidos.

A maioria dos trabalhos na literatura abordam a relação entre uso e manejo do solo e teores de carbono orgânico no solo, deixando, na maioria das vezes, de aprofundar nas explicações das relações de causa/efeito das diferenças. Trabalhos que abordam a influência de plantas no estoque de C do solo e na abundância e diversidade dos microrganismos são importantes para melhor entendimento da

dinâmica do C no solo, haja vista que, aproximadamente, 80 a 90% dos processos que ocorrem no solo são mediados por microrganismos, incluindo decomposição de matéria orgânica, transformações de compostos inorgânicos e formação e estabilização dos agregados do solo (Nannipieri e Badalucco, 2003).

Apesar do grande número de trabalhos encontrados na literatura abordando fatores que afetam o sequestro de C no solo, algumas questões referentes à influência das plantas sobre comunidades microbianas do solo necessitam ser elucidadas. Desta forma, partindo-se da análise de um experimento de longa duração, buscar-se-á responder os seguintes questionamentos: 1) Cultivo de espécies distintas influenciam, diferentemente, a abundância e diversidade de microrganismos do solo e estoque de C no solo até qual profundidade?; 2) Cultivo de espécies distintas influenciam a produção de glomalina por FMAs de modo alterar positivamente a estrutura do solo?; 3) Quais combinações de espécies cultivadas sob SSD mais contribuem para aumentar o potencial produtivo do solo, com conseqüente, aumento da produtividade das culturas?

Assim, o presente estudo teve como objetivos:

- a) Estimar os dados de C deixados pelos resíduos das culturas e quanto deste C foi estocado no solo; avaliar qual o EC no solo em diferentes sequências de cultivo no SSD, e avaliar o efeito das sequências de culturas sobre o estoque de C do solo em profundidades.
- b) Avaliar a estabilidade de agregados do solo em água, e o teor de carbono e glomalina em diferentes tamanhos de agregados do solo em SSD sob diferentes sequências de culturas.
- c) Avaliar o efeito de sequências de culturas na diversidade dos microrganismos e atividade enzimática do solo, e avaliar se possuem relação de causa/efeito com a produtividade das culturas.

## Conclusão

A monocultura de soja no verão e crotalária no inverno reduziu a diversidade de fungos e bactérias do solo em relação ao cultivo exclusivo com gramínea. A rotação soja/milho aumenta a atividade enzimática do solo e a produtividade de milho e soja em SSD de longa duração, independente do teor de carbono.

## Referências

Balota, E. L.; Nogueira, M. A.; Mendes, I. C.; Hungria, M.; Fagotti, D. S. L; Melo, G. M. P. Souza, R. C.; Melo, W. J. Enzimas e seu papel na Qualidade do Solo. In: Araújo, A. P.; Alves, B. J. R. (Eds.). Tópicos em Ciência do Solo - Volume VIII. 1 ed. **Sociedade Brasileira de Ciência do Solo**, p. 221-278, 2013.

Brennan, E. B.; Acosta-Martinez, V. Soil microbial biomass and enzyme data after six years of cover crop and compost treatments in organic vegetable production. *Data in Brief*, 21, 212-227, 2018. doi.org/10.1016/j.dib.2018.09.013

Callahan, B.J., McMurdie, P.J., Rosen, M.J., Han, A.W., Johnson, A.J.A., Holmes, S.P. DADA2: High resolution sample inference from Illumina amplicon data. **Nat Methods** 13, 581–583, 2016. https://doi.org/10.1038/nmeth.3869

Chamberlain, L.; Bolton, M.; Cox, M.S.; Suen, G.; Conley, S.P.; Ane, J.M. Crop rotation, but not cover crops, impact soil bacterial communities in a corn-soybean system in Wisconsin. **Appl. Soil Ecol.** 154, 103603, 2020. https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2020.103603

Chong, J., Liu, P., Zhou, G., Xia, J. Using MicrobiomeAnalyst for comprehensive statistical, functional, and meta-analysis of microbiome data. **Nat Protoc** 15, 799–821, 2020. https://doi.org/10.1038/s41596-019-0264-1

Coats, V. C.; Pelletreau, K.N.; Rumpho, M.E.; Amplicon pyrosequencing reveals the soil microbial diversity associated with invasive japanese barberry (*Berberis thunbergii* DC.). **Mol Ecol.** 23:1318-32, 2014.https://doi.org/10.1111/mec.12544

Cole, J.R., Wang, Q., Fish, J.A., Chai, B., McGarrell, D.M., Sun, Y., Brown, C.T., Porras-Alfaro, A., Kuske, C.R., Tiedje, J.M. Ribosomal Database Project: data and

tools for high throughput rRNA analysis. **Nucl. Acids Res.** 42, D633–D642, 2014. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt1244>

Dhariwal, A., Chong, J., Habib, S., King, I.L., Agellon, L.B., Xia, J. MicrobiomeAnalyst: a web-based tool for comprehensive statistical, visual and meta-analysis of microbiome data. **Nucleic Acids Research** 45, W180–W188, 2017. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx295>

Edgar, R.C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. **Bioinformatics** 26, 2460–2461, 2010. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq461>

Fierer, N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome. **Nat Rev Microbiol** 15, 579–590, 2017. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.87>

Gosling, P.; Mead, A.; Proctor, M.; Hammond, J.P.; Bending, G.D. Contrasting arbuscular mycorrhizal communities colonizing different host plants show a similar response to a soil phosphorus concentration gradient. **New Phytologist**, v. 198, p. 546–556, 2013.

Hok, L.; Sá, J. C. D. M.; Reyes, M.; Boulakia, S.; Tivet, F.; Leng, V.; Kong, R.; Briedis, C.; Hartman, D. C.; Ferreira, L. A.; Inagaki, T. M.; Gonçalves, D. R. P.; Bressan, P. T (2018). Enzymes and c pools as indicators of c build up in short-term conservation agriculture in a savanna ecosystem in cambodia. **Soil and Tillage Research**, v.177, p.125–133. doi:10.1016/j.still.2017.11.015

Inagaki, T. M.; Sá, J. C. M.; Caires, E. F.; Gonçalves, D. R. P. Lime and gypsum application increases biological activity, carbon pools, and agronomic productivity in highly weathered soil. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 231, p. 156-165, 2016. doi:10.1016/j.agee.2016.06.034

Kallenbach, C. M.; Frey, S. D.; Grandy, A. S. Direct evidence for microbial-derived soil organic matter formation and its ecophysiological controls. **Nature Communications**, 7:13630, p. 1-10, 2016. doi:10.1038/ncomms13630

Lal, R. Soil Carbon Sequestration Impacts on Global Climate Change and Food Security, **Science**, v. 304, n. 5677, p.1623-1627, 2004. doi:10.1126/science.1097396

Lehmann, J. & Kleber, M. The contentious nature of soil organic matter. **Nature**, 528, 60 - 68, 2015. doi:10.1038/nature16069

Li, Jun; Wu, Zelong; Yuan, Jun. Impact of agro-farming activities on microbial diversity of acidic red soils in a Camellia Oleifera Forest. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**. 43, e0190044, 2019.

Liu, H., Pan, F., Han, X., Song, F., Zhang, Z., Yan, J., Xu, Y. Response of soil fungal community structure to long-term continuous soybean cropping. **Front. Microbiol.** 10, 1–13 (2019). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.03316>.

Makoi J.; Ndakidemi, P. Selected soil enzymes: examples of their potential roles in the ecosystem. **African Journal of Biotechnology**, 7 (3), 181-191, 2008.

Marcelo, A. V.; Corá, J. E.; Fernandes, C. Sequências de culturas em sistema de semeadura direta: II - decomposição e liberação de nutrientes na entressafra. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.36, n.5, p.1568-1582, 2012. doi:10.1590/S0100-06832012000500021

Martins, M. R.; Angers, D. A.; Corá, J. E. Carbohydrate composition and water-stable aggregation of an Oxisol as affected by crop sequence under no-till. **Soil Science Society of America Journal**, v.76, p.475-484, 2012. doi:10.2136/sssaj2011.0110

Mendes, I. C. Sousa, D. M. G. Reis Junior, F. B. Lopes, A. A.C. **Bioanálise de solo: como acessar e interpretar a saúde do solo**. Embrapa, 2018. p. 1-23. (Circular técnica Embrapa, n. 38).

Mendes, I. C.; Ono, F. B.; Oliveira, M. I.; Silva, R. G.; Kappes, C.; Reis Junior, F. B.; Zancanaro, L. **Rotação de culturas, bioindicadores e saúde do solo**. In: Silva, P. A.; Oliveira, L. C. Boletim de Pesquisa 2019/2020. 19.ed. Fundação MT, p. 102-110. 2020.

Mendes, I. C.; Sousa, D. M. G.; Reis Junior, F. B. Bioindicadores de qualidade de solo: dos laboratórios de pesquisa para o campo. **Cadernos de Ciência e Tecnologia**, v. 32, p. 191-209, 2015.

Nannipieri, P.; Badalucco, L. Biological Processes. In: Bembi, D.K.; Nieder, R. Handbook of processes and modeling in the soil-plant system. (The Haworth Press: Binghamton NY, EUA). p. 57-76 2003.

Nilsson, R.H., Larsson, K.-H., Taylor, A.F.S., Bengtsson-Palme, J., Jeppesen, T.S., Schigel, D., Kennedy, P., Picard, K., Glöckner, F.O., Tedersoo, L., Saar, I., Kõljalg, U., Abarenkov, K. The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications. **Nucleic Acids Research** 47, D259–D264, 2019. <https://doi.org/10.1093/nar/gky1022>

Nivelle, E.; Verzeaux, J.; Habib, H.; Kuzyakov, Y.; Decocq, G.; Roger, D.; Lacoux, J.; Duclerq, J.; Spicher, F.; Nava-Suacedo, J.; Catterou, M.; Dubois, F.; Tetu, T. Functional response of soil microbial communities to tillage, cover crops and nitrogen fertilization. **Applied. Soil Ecology**, v.108, p.147–155, 2016. doi:10.1016/j.apsoil.2016.08.004

Ochoa-Hueso R.; Eldridge DJ.; Delgado-Baquerizo M.; Soliveres S.; Bowker MA.; Gross N.; le Bagousse-Pinguet Y.; Quero JL.; García-Gómez M.; Valencia E.; Arredondo T.; Beinticincio L.; Bran D.; Cea A.; Coaguila D.; Dougill AJ.; Espinosa CI.; Gaitán J.; Guuroh RT.; Guzman E.; Gutiérrez JR.; Hernández RM.; Huber-Sannwald E.; Jeffries T.; Linstädter A.; Mau RL.; Moneris J.; Prina A.; Pucheta E.; Stavi I.; Thomas AD.; Zaady E.; Singh BK.; Maestre FT. Soil fungal abundance and plant functional traits drive fertile island formation in global drylands. **Journal of Ecology**. 106, 242-253, 2017. doi.org/10.1111/1365-2745.12871

Oulas, A.; Pavludi, C.; Polymenakou, P.; Pavlopoulos, G. A.; Papanikolaou, N.; Kotoulas, G.; Arvanitidis, C.; Iliopoulos, I. Metagenomics: Tools and Insights for Analyzing Next-Generation Sequencing Data Derived from Biodiversity Studies. **Bioinformatics and Biology Insights**, v. 9, p. 75-88, 2015. doi:10.4137 / BBI.S12462

R Core Team, 2020. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Raij, B. V.; Andrade, J. C.; Cantarella, H.; Quaggio, J. A. **Análise química para avaliação da fertilidade de solos tropicais**. Campinas, Instituto Agronômico, 2001. p. 284.

Renaud, G., Stenzel, U., Maricic, T., Wiebe, V., Kelso, J. deML: robust demultiplexing of Illumina sequences using a likelihood-based approach. **Bioinformatics** 31, 770-772, 2015. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu719>

Sá, J.C.M, Lal, R., Cerri, C.C. Lorenz, K., Hungria, M. & Carvalho, P.C.F. Low-carbon agriculture in South America to mitigate global climate change and advance food security. **Environment International**, 98, 102 – 112, 2017. doi.org/10.1016/j.envint.2016.10.020

Santos, H. G.; Jacomine, P.K.T.; Anjos, L. H. C.; Oliveira, V. A.; Lumbreiras, J. F.; Coelho, M.R.; Almeida, J. A.; Cunha, T. J. F.; Oliveira, J. B. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Empresa brasileira de pesquisa agropecuária-EMBRAPA. 3 ed. 353p, 2013. Brasília.

Schmidt, J.E, Vannette, R. L.; Igwe, A.; Blundell, R.; Casteel, C.L.; Gaudin, A.C.M. Effects of Agricultural Management on Rhizosphere Microbial Structure and Function in Processing Tomato Plants. Cann I (Ed.). **Applied and Environmental Microbiology** 85: e01064-19, 2019. <https://doi.org/10.1128/AEM.01064-19>

Schübler, A.; SCHWARZOTT, D.; WALKER, C. A new fungal phylum, the Glomeromycota: phylogeny and evolution. **Mycol. Res**, v. 105: p.1413-1421, 2001.

Sousa, R.F.D.; Brasil, E.P.F.; Figueiredo, C.C.D.; Leandro, W. M. Soil organic matter fractions in preserved and disturbed wetlands of the cerrado biome. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, 39(1), 222-231. 2015.

Streit W.R, Schmitz R.A. Metagenomics – the key to the uncultured microbes. **Current Opinion in Microbiology** 7: 492–498, 2004. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2004.08.002>

Tabatabai, M. A.; Enzymes. In: Weaver, R. W.; Agle, S.; Bottomley, P. J.; Bezdicek, D.; Smith, S.; Tabatabai, A.; Wollum, A. Methods of soil analysis. Part 2 (Microbial and Biochemical Properties). **Soil Science Society of America**, p. 775-833, 1994. doi:10.2136/sssabookser5.2.c37

Verbruggen, E.; Kiers, E. T. Evolutionary ecology of mycorrhizal functional diversity in agricultural systems. **Evolutionary Applications**. 3. 547–560, 2010. doi:10.1111/j.1752-4571.2010.00145.x

Wang, Q., Garrity, G.M., Tiedje, J.M., Cole, J.R. Naïve bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy. **Applied and Environmental Microbiology**, 73, 5261–5267., 2007. <https://doi.org/10.1128/AEM.00062-07>

White, P. M.; Rice, C. W. Tillage Effects on Microbial and Carbon Dynamics during Plant Residue Decomposition. **Soil Science Society of America Journal**, v.73, n. 1, p. 138-145, 2009. doi:10.2136/sssaj2007.0384

Yang, L.; Li, T.; Li, F.; Lemcoff, J.H.; Cohen, S. Fertilization regulates soil enzymatic activity and fertility dynamics in a cucumber field. **Sci. Hortic.**, 116:21-26, 2008.

Zhang, J., Kobert, K., Flouri, T., Stamatakis, A. PEAR: a fast and accurate Illumina Paired-End reAd mergeR. **Bioinformatics** 30, 614–620, 2014. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt593>