

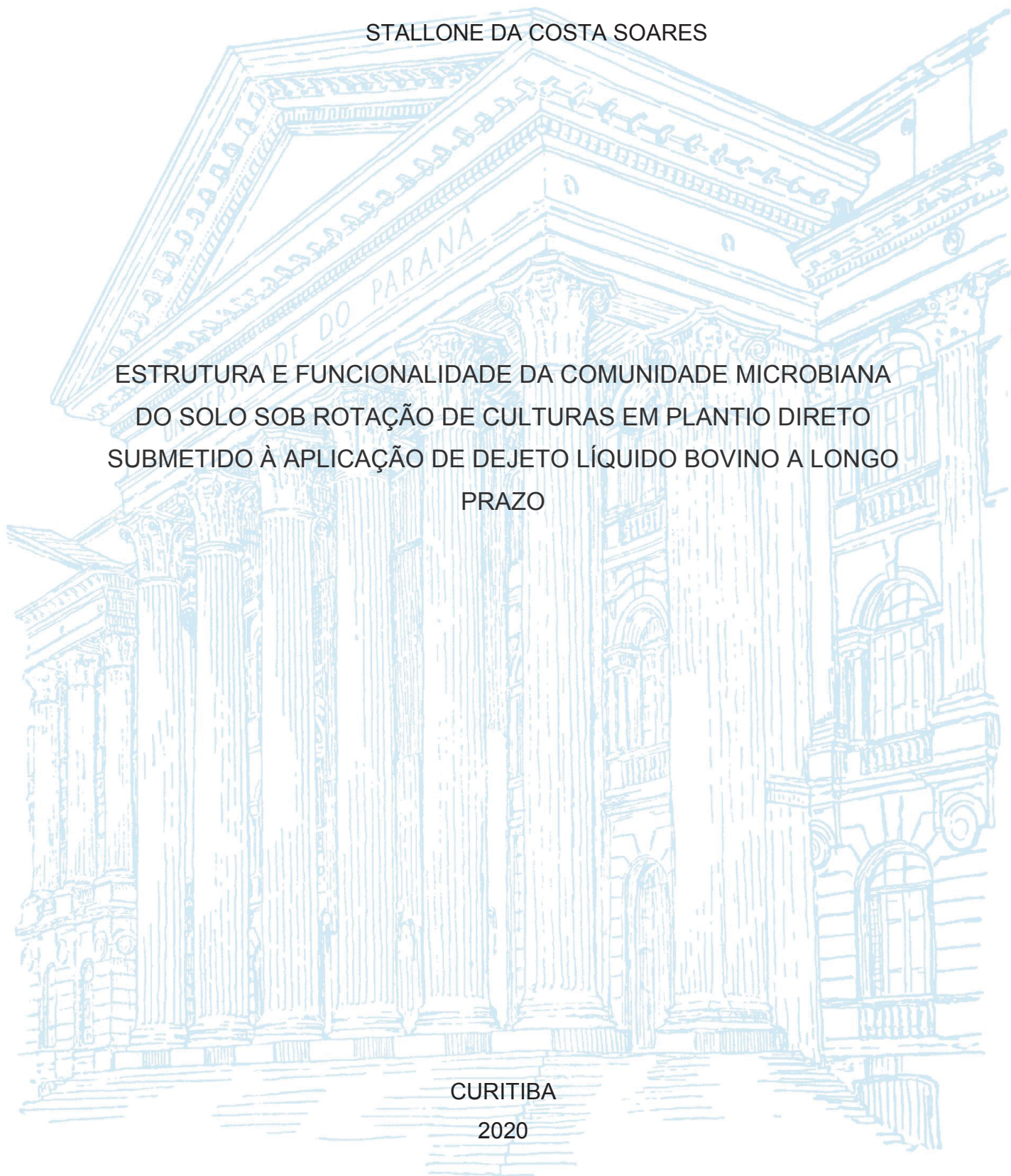
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

STALLONE DA COSTA SOARES

ESTRUTURA E FUNCIONALIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA
DO SOLO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO
SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO
PRAZO

CURITIBA

2020



STALLONE DA COSTA SOARES

ESTRUTURA E FUNCIONALIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA DO
SOLO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À
APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO

Dissertação apresentada ao curso de Pós-Graduação em Ciência do Solo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciência do Solo.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Fabiane Machado Vezzani
Coorientador: Prof. Dr. Emanuel Maltempi de Souza
Coorientadora: Prof^a. Dr^a. Nerilde Favaretto
Coorientador: Prof. Dr. Roberto Pontarolo

CURITIBA

2020

Soares, Stallone da Costa

Estrutura e funcionalidade da comunidade microbiana do solo sob rotação de culturas em plantio direto submetido à aplicação de dejetos líquido bovino a longo prazo. / Stallone da Costa Soares. - Curitiba, 2020.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná. Setor de Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Ciências do Solo. Orientadora: Fabiane Machado Vezzani.

Coorientadores: Emanuel Maltempi de Souza; Nerilde Favaretto; Roberto Pontarolo.

1. Resíduos - Eliminação no solo. 2. Solos - Adubos e fertilizantes - Paraná. 3. Manejo do solo. 4. Microbiologia do solo. I. Dieckow, Jeferson. II. Vezzani, Fabiane Machado. III. Souza, Emanuel Maltempi de. IV. Favaretto, Nerilde. V. Pontarolo, Roberto. VI. Título. VII. Universidade Federal do Paraná.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO CIÊNCIA DO SOLO -
40001016014P4

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em CIÊNCIA DO SOLO da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da Dissertação de Mestrado de **STALLONE DA COSTA SOARES** intitulada: **ESTRUTURA E FUNCIONALIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA DO SOLO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO**, sob orientação da Profa. Dra. **FABIANE MACHADO VEZZANI**, que após terem inquirido o aluno e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua Aprovação no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 27 de Fevereiro de 2020.

FABIANE MACHADO VEZZANI

Presidente da Banca Examinadora (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

GABRIEL BARTH

Avaliador Externo (FUNDAÇÃO ABC)

ANDRÉ CARLOS AULER

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

NERILDE FAVARETTO

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço à Deus por ter me concedido a vida e por estar presente nas minhas conquistas.

Aos meus pais em especial a minha mãe Antónia Rosa pelo carinho, amizade, companheirismo e incansável incentivo nessa caminhada.

Aos meus irmãos, a tia Filipa Costa, Celeste Pina, Tia Oly, Bakissy e Benita Charles Man Pedroso pelo incentivo, cumplicidade, apoio psicológico nos momentos de desânimo.

À Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira e aos Professores Luiz António da Silva (*in memoriam*), Geocleber Gomes de Sousa, Daniela Queiroz Zuliani, Rafaella da Silva Nogueira, Maria Ivanilda de Aguiar e Susana Churka Blum pela inserção no mundo de ensino, pesquisa e extensão, o que me fez embarcar no mestrado.

À minha orientadora que admiro como profissional e como pessoa, Professora Fabiane Machado Vezzani pela orientação, vivência e crescimento pessoal que me proporcionou. Agradeço pela amizade, carinho, cumplicidade, incentivo nos momentos difíceis e pela oportunidade de executar este trabalho.

À minha coorientadora, Nerilde Favaretto pela disponibilidade e por todo o suporte para a realização deste trabalho.

Agradeço aos demais membros da banca, André Carlos Auler e Gabriel Barth por aceitarem de prontidão o convite.

À Fundação ABC por ceder a área experimental e pelo auxílio na realização das coletas do solo em especial ao Junior e Adão.

Ao laboratório de Bioquímica da Universidade Federal em especial ao Eduardo, Valter e o Professor Emanuel por tornar possível a realização das análises e ao Professor Leonardo e Araceli pelo acolhimento e todo o suporte na análise dos dados.

Ao laboratório de Farmácia da Universidade Federal na pessoa do Professor Roberto Pontarolo, Alexandre e Raquel pela parceria.

À Denise, secretária do Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo da UFPR, que tornava os dias mais coloridos com os beijinhos de todas as manhãs. Obrigado pelo carinho, atenção, as conversas aleatórias e pela disponibilidade.

Às técnicas dos laboratórios Fabiana, Heila, Maria, Josiane e Carla, pela amizade e auxílio nas análises.

Aos colegas Jéssica Pereira de Souza e ao Gustavo Valani, pela explicação nas metodologias das análises mesmo à distância. Selma e Aline pelo acolhimento e amizade, sem vocês o percurso teria sido mais difícil.

À Carolina Scaburi Ballestrin pela ajuda na coleta, no laboratório e parceria na escrita do resumo.

Agradeço à Elaine, Etiene, Fabiane, Glaciela, Kayo, Selma, Aline, membros do grupo “qualidade de solo”, pelas discussões semanais e oportunidade de trocar experiência.

À Universidade Federal do Paraná e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo pela oportunidade de cursar o mestrado.

Aos docentes do departamento Valentim, Marcelo, Antônio Carlos, Volnei, Glaciela, Jeferson, Vander e Eloana, por contribuírem na minha formação profissional durante esse período.

À Rosemery pelo enorme incentivo, amor, carinho, companheirismo, ombro amigo ao longo dessa trajetória.

Aos colegas de turma do Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo da UFPR, especialmente aos ingressantes em 2018/1, pela amizade, companheirismo e os momentos de diversões.

Aos amigos do laboratório de Mineralogia Carla, Fabiana, Maria, Mylena, Juliana, Deyse, pela parceria e pelas tardes de café.

À família de handebol e de futebol da UFPR pelos momentos incríveis que compartilhamos. Obrigado por me desviarem da pressão que os pós-graduandos vivem.

Agradeço aos meus amigos Danilo, Ismael, Isaías, Davi, Matheus, Ricardo Ribeiro, Ricardo Otto, Kayo, Ederlan, Filipe, Rodrigo, Anderson, Feliciano e Zie, pelo companheirismo.

Aos meus companheiros de Maçonaria Santola 5.0 (Jeremias Castro, Valdécio Rodrigues, Vinuel Semedo, Edvaldo Cardoso e Ivanick Lopandza) pelo apoio e os momentos de diversões.

À Fundação Araucária por todo suporte para o desenvolvimento deste trabalho e em participações em eventos.

Ao CNPq pela concessão da bolsa.

À todos os que direta e indiretamente ajudaram na realização deste trabalho.

RESUMO

O dejetto líquido bovino (DLB) é adicionado aos solos sob sistema plantio direto na região dos Campos Gerais do Paraná como fonte de nutrientes para produção de grãos e como uma forma de descarte deste resíduo orgânico da produção leiteira. No entanto, sucessivas aplicações de DLB numa mesma área ao longo do tempo pode influenciar a biota do solo, alterando a sua estrutura e a sua atividade, interferindo diretamente nos processos biológicos que ela desempenha e, conseqüentemente, na funcionalidade do solo. Nesse sentido, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da aplicação de DLB a longo prazo sobre a estrutura e a funcionalidade da comunidade microbiana do solo. O estudo foi conduzido no Campo Demonstrativo Experimental (CDE) da Fundação ABC, instalado em 2005, localizado no município de Ponta Grossa, na região dos Campos Gerais do Paraná, sob um Latossolo Vermelho-Amarelo Distrófico típico de textura média. Os tratamentos consistiram de uma testemunha (sem aplicação de dejetto) e três doses de DLB: 60, 120 e 180 m³ ha⁻¹ ano⁻¹, distribuídos num delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições. Realizou-se coletas de solo em duas estações do ano (primavera, novembro 2018 e outono, abril 2019). As variáveis de solo analisadas nas camadas 0-5 e 5-10 cm de profundidade foram: atributos químicos; carbono (CBM) e nitrogênio (NBM) da biomassa, atividade (RB) e os respectivos quocientes da microbiota, e sequenciamento do 16S rRNA. A aplicação sucessiva de dejetto líquido bovino até a dose de 180 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ por 14 anos não afetou a riqueza dos filos da comunidade microbiana entre as doses, porém, houve uma influência na abundância relativa dos indivíduos em cada filo. Dentro de todas as doses, e na camada entre 0 a 10 cm, os filos mais abundantes foram: Proteobacteria 35%, Acidobacteria 19%, Actinobacteria 13%, Bacteroidetes, Planctomycetes 6%, Chloroflexi e Verrucomicrobia 4%, Gemmatimonadetes 3 %, arquea Crenarchaeota, Nitrospirae, Firmicutes 2%. Na avaliação do Outono, a estrutura da comunidade microbiana não apresentou diferença entre as doses de DLB, nem entre camadas de solo. Na média entre épocas e profundidades, houve aumento linear do CBM, do NBM e da RB em função do aumento das doses pelo aporte de nutrientes ao solo e os quocientes metabólico e microbiano foram similares. Mudanças nos atributos do solo como o pH, P, Cu e Zn impostas pela utilização de DLB ao longo de 14 anos teve uma relação diretamente proporcional com os filos Bacteroidetes, Proteobacteria, Firmicutes e da Crenarchaeota e inversamente com os filos Gemmatimonadetes, Verrucomicrobia, Chloroflexi, Actinobactérias, o que pode alterar as funções que esses filos realizam no solo. As mudanças na diversidade das comunidades de bactérias e arqueias avaliada na época de Primavera foram relacionadas à utilização de DLB ao longo do tempo, que aumentaram os atributos químicos do solo pH, P, K, Cu e Zn, refletindo na atividade e na funcionalidade da microbiota do solo, avaliada pelos indicadores CBM, NBM e RM.

Palavras-chave: Resíduo orgânico. Manejo do solo. Diversidade. Microorganismos. Ciclagem de Nutrientes.

ABSTRACT

Dairy liquid manure (DLM) is added to the soils under no-tillage in the region of Campos Gerais do Paraná, as a source of nutrients for grain production and as a way of disposing of this organic waste from milk production. However, successive applications of DLM in the same area over time can influence a biota of the soil, changing its structure and activity, directly interfering in the biological processes it performs in soil. In this sense, our aimed to evaluate the effect of applying DLM in the long term on the structure and functionality of the soil microbial community. The study was conducted at the ABC Foundation's Experimental Demonstrative Field (CDE), installed in 2005, located in the municipality of Ponta Grossa, in the Campos Gerais do Paraná region, under a Oxisoil. The treatments consisted of a control (without manure application) and three doses of DLM: 60, 120 and 180 m³ ha⁻¹ year⁻¹, distributed in a randomized block design with four replications. Soil collections were carried out in two seasons (Spring, November 2018 and Autumn, April 2019). The soil variables analyzed in layers 0-5 and 5-10 cm deep were: chemical attributes; carbon (MBC) and nitrogen (MBN) of the biomass, activity (MR) and the respective microbiota quotients, and sequencing of the 16S rRNA. The successive application of bovine liquid manure up to the dose of 180 m³ ha⁻¹ year⁻¹ for 14 did not affect the richness of the phyla in the microbial community between doses, however, there was an influence on the relative abundance of individuals in each phylum. Within all doses, and in the layer between 0 to 10 cm, the most abundant phyla were: Proteobacteria 35%, Acidobacteria 19%, Actinobacteria 13%, Bacteroidetes, Planctomycetes 6%, Chloroflexi and Verrucomicrobia 4%, Gemmatimonadetes 3%, arquea Crenarchaeota, Nitrospirae, Firmicutes 2%. In the autumn evaluation, the structure of the microbial community showed no difference between the doses of DLM, nor between layers of soil. In the mean between times and depths, there was a linear increase in CBM, NBM and RB due to the increase in doses due to the supply of nutrients to the soil and the metabolic and microbial quotients were similar. Changes in soil attributes such as pH, P, Cu and Zn imposed by the use of DLM over 14 years had a directly proportional relationship with the phyla Bacteroidetes, Proteobacteria, Firmicutes and Crenarchaeota and inversely with the phyla Gemmatimonadetes, Verrucomicrobia, Chloroflexi, Actinobacteria, which can alter the functions that these phyla perform in the soil. The changes in the diversity of the bacterial and archaic communities evaluated in the spring season were related to the use of DLB over time, which increased the chemical attributes of the soil pH, P, K, Cu and Zn, reflecting in the activity and functionality soil microbiota, evaluated by the CBM, NBM and RM indicators.

Keywords: Organic waste. Soil management. Diversity. Microorganisms. Nutrient Cycling.

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1. PRECIPITAÇÃO PLUVIOMÉTRICA E TEMPERATURA MÉDIA MENSAL ENTRE AGOSTO DE 2018 A JULHO DE 2019, EM PONTA GROSSA – PR. 17
- FIGURA 2. ABUNDÂNCIA RELATIVA DOS FILOS MAIS ABUNDANTES (A) E DOS FILOS MENOS ABUNDANTES (B) DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0-10 CM, AVALIADA NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018), NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR..... 30
- FIGURA 3. ABUNDÂNCIA RELATIVA DE FILOS DE ARQUEA (CRENARCHAEOTA) E BACTÉRIAS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO COM EFEITO DIRETAMENTE PROPORCIONAL À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0 A 10 CM NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR. 32
- FIGURA 4. ABUNDÂNCIA RELATIVA DE FILOS DE BACTÉRIAS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO COM EFEITO INVERSAMENTE PROPORCIONAL À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0 A 10 CM NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR..... 36
- FIGURA 5. ÍNDICE DE DIVERSIDADE DE SHANNON DE FILOS DE BACTÉRIAS E ARQUEAS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-

AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0 A 10 CM, AVALIADO NO OUTONO (ABRIL 2019) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR. 40

FIGURA 6. ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS USANDO COMO VARIÁVEIS DE RESPOSTA OS DADOS DOS ATRIBUTOS QUÍMICOS E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM SISTEMA PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DEJETO LÍQUIDO BOVINO DLB ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO AVALIADO NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, PONTA GROSSA-PR. 43

FIGURA 7. ANÁLISE DE CORRELAÇÃO CANÔNICA (ACC) ENTRE OS ATRIBUTOS QUÍMICOS E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM SISTEMA PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO AVALIADO NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR. 46

LISTA DE TABELAS

- TABELA 1. QUANTIDADE MÉDIA POR SAFRA (INVERNO/VERÃO) E ACUMULADA POR NOUVE ANOS DE NITROGÊNIO, FÓSFORO E POTÁSSIO APLICADO VIA DEJETO LÍQUIDO BOVINO (DLB) E ADUBAÇÃO MINERALNO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR. 18
- TABELA 2. CARBONO (CBM) E NITROGÊNIO (NBM) DA BIOMASSA MICROBIANA, CARBONO TOTAL (C_{total}), NITROGÊNIO TOTAL (N_{total}), RESPIRAÇÃO MICROBIANA (RM), QUOCIENTE METABÓLICO (qCO₂) E QUOCIENTE MICROBIANO (qMic) EM UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO (m³ ha⁻¹ ano⁻¹) A LONGO PRAZO NAS PROFUNDIDADES DE 0 A 5 E 5 A 10 CM, E EM DUAS ÉPOCAS DE AVALIAÇÃO (PRIMAVERA 2018 E OUTONO 2019) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR..... 23

LISTA DE ABREVIATURAS OU SIGLAS

Al ⁺³	- Alumínio Trocável
Ca	- Cálcio
CBM	- Carbono da Biomassa Microbiana
CDE	- Campo Demonstrativo Experimental
COT	- Carbono Orgânico Total
Ctotal	- Carbono Total
C	- Carbono
Cu	- Cobre
DLB	- Dejeito Líquido Bovino
DLS	- Dejeito Líquido Suíno
K	- Potássio
Mg	- Magnésio
Mn	- Manganês
NBM	- Nitrogênio da Biomassa Microbiana
Ntotal	- Nitrogênio Total
P	- Fósforo
PCR	- Reação em cadeia da polimerase (sigla em inglês)
pH	- Potencial de Hidrogênio
qCO ₂	- Quociente Metabólico
qMic	- Quociente Microbiano
RM	- Respiração Microbiana
UTO	- Unidade Taxonômica Operacional
Zn	- Zinco

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
2 MATERIAL E MÉTODOS	17
2.1 ÁREA EXPERIMENTAL E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL	17
2.2 PROCEDIMENTO DE COLETA	19
2.3 ATRIBUTOS QUÍMICOS E MICROBIOLÓGICOS DO SOLO	19
2.5 EXTRAÇÃO E SEQUENCIAMENTO DO 16S RRNA DO SOLO	20
2.6 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	21
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
3.1 ATIVIDADE E FUNCIONALIDADE DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO EM PONTA GROSSA-PR	22
3.1.1. ATIVIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM FUNÇÃO DAS DOSES	22
3.1.2. ATIVIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM FUNÇÃO DA PROFUNDIDADE	25
3.1.3. ATIVIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM FUNÇÃO DA ÉPOCA	27
3.2. ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA EM UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO EM PONTA GROSSA-PR	28
3.3 INTERAÇÕES ENTRE AS PROPRIEDADES QUÍMICAS E E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA NA PROFUNDIDADE DE 0-5 E DE 5-10 CM DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO À LONGO PRAZO EM PONTA GROSSA-PR AVALIADAS NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018)	42
4 CONCLUSÃO	49
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	50
REFERÊNCIAS	51
APÊNDICES	67

1 INTRODUÇÃO

A região dos Campos Gerais do Paraná é grande produtora de gado leiteiro em sistema semi-confinado. Este sistema, acarreta elevadas quantidades de resíduos dos animais com potencial de causar contaminação ao ambiente (KUNZ & ENCARNAÇÃO, 2007). A fim de minimizar este efeito, o resíduo é aplicado sobre o solo como fertilizante para produção de grãos.

O dejetos líquido bovino (DLB) é um produto rico em nutrientes (SILVA et al., 2012) e ao ser adicionado ao solo, proporciona melhoria nas propriedades físicas (OLIVEIRA et al., 2016), químicas (BARCELOS et al., 2015) e biológicas (MÜLLER et al., 2014), por isso, tem potencial para elevar a produtividade das culturas (OLIVEIRA et al., 2001; SILVA et al., 2004), pelo suprimento equilibrado de macro e micronutrientes (SOUZA & RESENDE, 2003; MEDEIROS et al., 2007; RODRIGUES et al., 2009; PATIL, 2010). No entanto, a composição química do DLB pode ser influenciada por vários fatores como a espécie, a raça, a idade e a qualidade e quantidade da alimentação do animal (KIEHL, 1985).

Trabalhos que envolveram o uso de DLB sobre os atributos microbiológicos do solo destacaram efeito benéfico deste produto. Shi et al. (2017) concluíram que as frações de DLB aumentaram a biomassa microbiana, o total de comunidades bacterianas e as atividades de desidrogenase e fosfomonoesterase alcalina do solo na região costeira sul da Colúmbia Britânica, Canadá. Müller et al. (2014) observaram influência da atividade dos microrganismos com aplicação de esterco bovino num Latossolo Amarelo Eutrófico típico de textura média. Esse resultado se deve pelo incremento nos teores de carbono e nitrogênio (PANDOLFO et al., 2008) o que faz desse resíduo, uma importante estratégia de manejo do solo.

Embora hajam registros dos benefícios nos sistemas que utilizam DLB sobre os atributos microbiológicos do solo, a elevada quantidade de DLB aplicada nas mesmas áreas, por longo período, pode alterar a temperatura (BARETTA et al., 2003) e as propriedades do solo. Watts et al. (2010) determinando o efeito da aplicação de esterco bovino em três solos diferentes sob as propriedades e estrutura da comunidade microbiana durante duas estações diferentes observaram que, a adição de esterco bovino alterou a estrutura da comunidade diminuindo a proporção média de bactérias gram-positivas. Esse fato deve-se à composição química do dejetos, que pode adicionar

bactérias e metais pesados como Cu, Zn e Mn, provenientes da ração do animal (WANG et al., 2013) ou ainda aumento do C solúvel no solo (WATTS et al. 2010).

A premissa é que essa condição influencia negativamente a biota do solo. Alterações na biota e na sua atividade interferem diretamente nos processos biológicos e bioquímicos que estes organismos desempenham no solo a exemplo de ciclagem de nutrientes (BARETTA et al., 2007), na produtividade agrícola e, conseqüentemente, na sustentabilidade dos agroecossistemas (MATSUOKA et al., 2003). Por isso, faz-se necessário o monitoramento permanente da qualidade dos solos que recebem DLB, a fim de identificar a influência de seu uso sobre o funcionamento da biota e conseqüentemente, do sistema.

Dentre os atributos microbiológicos do solo, a biomassa microbiana e sua atividade (taxa de respiração e atividade enzimática) e a diversidade de espécies são indicadores sensíveis que podem ser utilizados no monitoramento de alterações na funcionalidade do solo resultante do manejo humano em áreas agrícolas (EPELDE et al., 2014). Assim, a análise desses indicadores poderá responder inquietações a respeito do efeito da aplicação do DLB ao longo do tempo sobre a comunidade microbiana do solo, tanto na sua composição, como no cumprimento das suas funções, a exemplo de ciclagem de nutrientes, decomposição da matéria orgânica e a estruturação do solo (SILVA et al., 2012; BURNS et al., 2013).

A quantificação da biomassa microbiana do solo revela a quantidade de bactérias, cianobactérias, fungos e algas presentes no sistema (JENKINSON & LADD, 1981), permitindo, assim, relacionar com a decomposição dos compostos orgânicos e a ciclagem de nutrientes (SILVA et al., 2010). Porém, a biomassa microbiana não indica quais microrganismos estão presentes. Partindo da necessidade de entender a estrutura da comunidade microbiana em ambientes naturais ou sob influências antropogênicas para melhor relacionar com as funções desempenhadas, métodos de análise da estrutura e diversidade microbiana, utilizando DNA genômico extraído diretamente de amostras do solo têm permitido um avanço considerável no estudo da ecologia de microrganismos edáficos (ZILLI et al., 2003).

Para além de fornecerem uma nova alternativa para a elucidação de características taxonômicas e funcionais das comunidades, os métodos

moleculares geram grande volume de dados (CAPORASO et al., 2012). Neste sentido, para identificação da riqueza e abundância de cada espécie de microrganismos presentes no solo, técnicas que realizam a extração direta de DNA do solo, seguida de amplificação pela reação em cadeia da polimerase (PCR), tem-se mostrado promissoras. A PCR permite a amplificação seletiva de regiões do DNA a partir de pequenas quantidades de DNA extraído de amostras ambientais e é, geralmente, usado como o primeiro passo na análise filogenética de comunidades microbianas e para várias outras abordagens moleculares de estudos ecológicos (ABHAUER et al., 2015).

A respiração basal (RB) juntamente com o quociente metabólico (qCO_2) do solo também refletem as modificações ocorridas em razão da adição de resíduos orgânicos e inorgânicos (MOREIRA & SIQUEIRA, 2006). Para esses autores, a RB representa a taxa de CO_2 liberada pela biomassa microbiana durante os processos de decomposição e mineralização da matéria orgânica adicionada ao solo. Por ser um atributo que indica a atividade microbiológica do solo, é de suma importância analisá-lo. Todavia, para melhor entender esse atributo faz-se necessário, correlacioná-lo com o conteúdo de matéria orgânica, quociente metabólico e outros índices microbiológicos (ARAÚJO & MONTEIRO, 2007).

O quociente metabólico (qCO_2) é obtido pela razão entre a respiração basal e o carbono da biomassa microbiana, e é também considerado como um indicador sensível de mudanças no ecossistema (Anderson & Domsch, 1993). Ele expressa quanto de CO_2 é liberado pela biomassa microbiana em função do tempo, representando a taxa de respiração específica da biomassa microbiana (ALVES et al., 2011).

A hipótese deste trabalho é que a adição de dejetos líquidos bovinos ao longo do tempo pode alterar a estrutura da comunidade microbiana no solo selecionando filos específicos que atuem na sua degradação, podendo resultar na diminuição dos serviços ecossistêmicos. Portanto, este estudo tem como objetivo analisar o efeito da aplicação de dejetos líquidos bovinos a longo prazo sobre a estrutura e a funcionalidade da comunidade microbiana em um Latossolo Vermelho-Amarelo sob rotação de culturas em plantio direto.

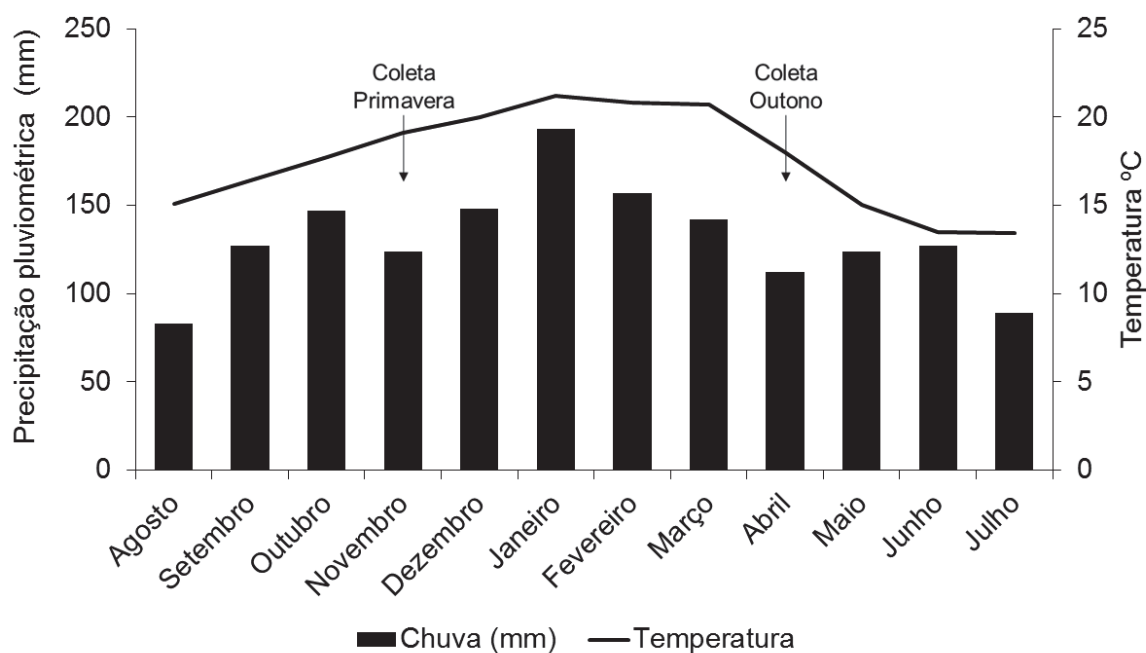
2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 ÁREA EXPERIMENTAL E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL

O presente estudo foi conduzido no Campo Demonstrativo Experimental (CDE) da Fundação ABC, localizado no município de Ponta Grossa (25° 00' 35" S e 50° 09' 16" E), na região dos Campos Gerais do Paraná.

O clima da região é subtropical, classificado como *Cfb*, segundo Köppen, com temperatura média anual de 17,8 °C e precipitação pluviométrica média anual de 1.554 mm (CAVIGLIONE et al., 2000). Na Figura 1, são apresentados os dados médios mensais de precipitação pluviométrica e de temperatura ocorridos entre Agosto de 2018 e Julho de 2019.

FIGURA 1. PRECIPITAÇÃO PLUVIOMÉTRICA E TEMPERATURA MÉDIA MENSAL ENTRE AGOSTO DE 2018 A JULHO DE 2019, EM PONTA GROSSA – PR.



FONTE: SIMEPAR (2019)

O experimento foi instalado em novembro de 2005, em um Latossolo Vermelho-Amarelo Distrófico típico (Embrapa/Fundação ABC, 2001) de textura média, com 739, 33 e 228 g kg de areia, silte e argila, respectivamente, na camada de 0-20 cm (ABBOUD et al., 2018). Antes da instalação do experimento

o solo apresentava os seguintes atributos químicos: pH 5,1 (em CaCl₂), Al 0,5 cmol_c dm⁻³, H + Al 3,5 cmol_c dm⁻³, Ca 3,7 cmol_c dm⁻³, Mg 0,7 cmol_c dm⁻³, K 0,2 em cmol_c dm⁻³, P 19 mg dm⁻³ (extraído em Mehlich-1) e C 13,2 g dm⁻³. As culturas foram conduzidas no sistema de rotação em plantio direto com trigo (*Triticum aestivum* L.) e aveia preta (*Avena strigosa* Schreb.) no inverno e soja (*Glycine max* (L. Merr.) e milho (*Zea mays* L.) no verão.

Os tratamentos consistiram de uma testemunha (sem aplicação de dejetos) e três doses de dejetos líquidos bovinos (DLB): 60, 120 e 180 m³ ha⁻¹ ano⁻¹, distribuídos no delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições, em parcelas com 9,0 m de comprimento por 3,5 m de largura. Anualmente, as doses foram parceladas em duas aplicações, sendo metade no desenvolvimento das culturas de primavera, e metade, nas de outono. A aplicação foi realizada nos dias 23/05 e 05/11 de 2018 e nos dias 13/05 e 31/10 de 2019 após a emergência das plantas, em superfície sem incorporação, entre as linhas de semeadura, utilizando regadores manuais. O dejetos aplicado em cada safra foi proveniente de esterqueiras de propriedades rurais produtoras de gado leiteiro semi-confinado, próximas da área experimental.

As quantidades médias por safra e o acumulado desde a instalação do experimento até 2014 de nitrogênio, fósforo e potássio aplicadas via DLB e adubação mineral encontram-se na Tabela 2. A adubação mineral foi utilizada de forma igual em todos os tratamentos, conforme a necessidade da cultura implantada.

TABELA 1. QUANTIDADE MÉDIA POR SAFRA (INVERNO/VERÃO) E ACUMULADA POR NOUVE ANOS DE NITROGÊNIO, FÓSFORO E POTÁSSIO APLICADO VIA DEJETO LÍQUIDO BOVINO (DLB) E ADUBAÇÃO MINERAL NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.

	Doses de DLB									Mineral		
	60 m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹			120 m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹			180 m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹					
	N	P	K	N	P	K	N	P	K	N	P	K
kg ha ⁻¹											
Média	61,1	19,6	84,6	122,2	39,3	169,2	183,3	58,9	253,8	69	24	45
Total	1099,8	352,8	1522,8	2199,6	705,6	3045,6	3299,4	1058,4	4568,4	1450	510	952

FONTE: Abboud et al. (2018).

2.2 PROCEDIMENTO DE COLETA

As coletas de solo foram realizadas antes da aplicação do DLB, em duas épocas do ano: primavera (Novembro de 2018) e outono (Abril de 2019). A coleta de primavera foi realizada sob a cultura do trigo na fase de maturação, e a coleta de outono, sob os restos culturais de soja. Foram coletadas duas sub-amostras de solo, em dois pontos por parcela, nas entrelinhas, com auxílio de espátulas, que constituíram uma amostra composta por parcela. As profundidades de coleta foram de 0-5 e 5-10 cm. As amostras de solo foram armazenadas a 4 °C até no máximo 20 dias antes das análises.

2.3 ATRIBUTOS QUÍMICOS E MICROBIOLÓGICOS DO SOLO

A análise química do solo seguiu a metodologia descrita em EMBRAPA (2011), com determinação de fósforo disponível (P) por Mehlich -1, potássio (K^+), cálcio (Ca^{+2}), magnésio (Mg^{+2}) trocáveis, alumínio trocável (Al^{+3}) e pH.

O pH em água foi determinado potenciométricamente por meio de eletrodo imerso em suspensão solo, na relação 1:2,5.

Os cátions cálcio (Ca^{2+}) e magnésio (Mg^{2+}) trocáveis foram extraídos por cloreto de potássio (KCl 1 mol L^{-1}) e determinados por complexometria com o emprego de ácido etilenodiamino tetra-acético (EDTA). Já o potássio (K^+) trocável foi extraído por acetato de amônio ($C_2H_7NO_2$) e determinado por fotômetro de chama. Para a determinação do teor de alumínio e o hidrogênio, acidez potencial ($Al^{3+} + H^+$ no solo), a extração foi feita utilizando solução de cloreto de cálcio ($CaCl_2$) e a sua determinação feita por compleximetria. Os valores da soma de bases (SB) foram calculados utilizando os resultados das análises químicas.

O carbono orgânico total (COT) e o nitrogênio total (NT) foram determinados por combustão seca em analisador elementar (CHNOS) (Elementar, Vario El III).

2.4 ATIVIDADE DA BIOMASSA MICROBIANA DO SOLO

O carbono da biomassa microbiana (CBM) ou carbono microbiano (C_{mic}) e o nitrogênio da biomassa microbiana (NBM) do solo foram obtidos, respectivamente, pelo método de fumigação-extração de Vance et al. (1987) e

Brookes et al, (1985), com as modificações propostas por Franchini et al. (2007). O CBM foi extraído de 20 g de solo com 50 mL da solução de K_2SO_4 $0,5 \text{ mol L}^{-1}$. Os valores de CBM e NBM foram estimados a partir das diferenças entre as amostras fumigadas e não fumigadas, empregando os coeficientes de 0,41 no cálculo de CBM (ANDERSON & DOMSCH, 1978) e de 0,54 no de NBM (BROOKES et al., 1985)

A respiração microbiana (RM) foi determinada pelo método de Anderson (1982). Amostras de 50 g de solo úmido foram incubadas a $25 \pm ^\circ\text{C}$ no escuro por 8 dias na presença de um recipiente contendo NaOH $0,5 \text{ mol L}^{-1}$ que captura as moléculas de CO_2 , posteriormente foi adicionado 3 mL de BaCl_2 30 %, e duas gotas de fenolfetaleína e titulado com HCl $0,25 \text{ mol L}^{-1}$.

O quociente metabólico ($q\text{CO}_2$) foi obtido pela relação da respiração microbiana do solo e pelo carbono da biomassa microbiana (Anderson & Domsch, 1993). Já o quociente microbiano ($q\text{Mic}$) calculado pela relação entre o carbono da biomassa microbiana e o carbono orgânico total do solo.

2.5 EXTRAÇÃO E SEQUENCIAMENTO DO 16S rRNA DO SOLO

O DNA do solo foi extraído com PowerLyzer PowerSoil DNA Isolation Kit (MoBio Laboratories, Inc, Carlsbad, CA), seguindo instruções do fabricante utilizando uma amostra por parcela. A qualidade do DNA extraído foi avaliada por eletroforese em gel de agarose 0,8 % (p/v) e quantificado por espectrofotometria em Nanodrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Inc, Wilmington, USA). Vinte nanogramas de DNA foram utilizados como molde para amplificação da região V4 do gene 16SrRNA, com os primers 515F e 806R e a KlenTaq (CAPORASO et al., 2012). Os produtos da reação em cadeia da polimerase (PCR) foram quantificados com Qubit dsDNA HS kit (Invitrogen), e sequenciados com o 500V2 Sequencing Kit (Illumina) em Illumina MiSeq (5200 Illumina Way, Inc, California, U.S.A.). As sequências de DNA foram analisadas na plataforma QIIME (Quantitative Insights Into Microbial Ecology) versão 1.8.0 (CAPORASO et al., 2010). As sequências foram agrupadas em Unidades Operacionais Taxonômicas (OTU sigla em inglês) e no nível taxonômico filo de bactérias e arqueas, considerando 97 % de similaridade com o banco de dados SILVA-132 (QUAST et al., 2013) e linha de corte de 76 mil sequências. Foram geradas matrizes de distância de alfa diversidade, a qual corresponde à riqueza

de filós pelo índice de Kruskal-Wallis, e matrizes de beta diversidade, a qual corresponde à abundância relativa, calculada pelo índice de diversidade de Shannon.

2.6 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Os atributos microbiológicos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) ($p < 0,05$). Posteriormente, foram comparadas pelo teste de Tukey a 5 % de probabilidade por meio do software R. Para a análise do sequenciamento do 16 S rRNA foi utilizado a plataforma QIIME 1, QIIME 2. A análise de variância da abundância relativa de sequências de bactérias e arqueas (PERMANOVA) foi realizada separadamente a nível de filo calculados com uso do pacote vegan (OKSANEN et al., 2017). Também foi realizada a correlação por meio da Análise dos Componentes Principais e correlação canônica entre os atributos químicos e os de estrutura e atividade da comunidade microbiana dentro das doses, na época de Primavera.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 ATIVIDADE E FUNCIONALIDADE DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO EM PONTA GROSSA-PR

Para atividade e funcionalidade da comunidade microbiana, não houve diferença na interação dos fatores doses, profundidade e época. Porém, ocorreu efeito isolado desses fatores para algumas variáveis, e, que por isso, os resultados serão apresentados em separado.

3.1. 1. ATIVIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM FUNÇÃO DAS DOSES

A adição de DLB ao longo do tempo influenciou os atributos microbiológicos do solo a nível de 5 % de significância (Tabela 2). As variáveis carbono (CBM), nitrogênio (NBM) e respiração (RM) da biomassa microbiana se ajustaram ao modelo de regressão linear para as doses aplicadas entre zero e $180 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, enquanto que os quocientes metabólico ($q\text{CO}_2$) e microbiano ($q\text{Mic}$) não apresentaram diferenças na análise de regressão.

Na média das duas épocas de coleta, na profundidade de 0-10 cm, o CBM variou de 70 a $107 \text{ mg C mic kg}^{-1}$ entre o tratamento controle e a dose de $180 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, enquanto que, o NBM variou de 15 a 32 mg N kg^{-1} , entre os mesmos tratamentos (Tabela 2). Silvano (2011), em trabalho realizado anteriormente na mesma área, quando os tratamentos tinham recebido DLB por seis anos, também observou aumento de CBM com aplicação de DLB. Para esse autor, os valores médios entre as épocas variaram de 321 a $400 \text{ mg C mic kg}^{-1}$ entre o tratamento controle e a dose de $180 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, respectivamente, utilizando o método de determinação por fumigação-incubação, distinto desse estudo. O efeito linear das doses sobre o CBM e o NBM sugere que é possível aplicar DLB ao solo até doses maiores pois a tendência do C e do N da biomassa ainda é aumentar.

TABELA 2. CARBONO (CBM) E NITROGÊNIO (NBM) DA BIOMASSA MICROBIANA, CARBONO TOTAL (Ctotal), NITROGÊNIO TOTAL (Ntotal), RESPIRAÇÃO MICROBIANA (RM), QUOCIENTE METABÓLICO (qCO₂) E QUOCIENTE MICROBIANO (qMic) EM UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO (m³ ha⁻¹ ano⁻¹) A LONGO PRAZO NAS PROFUNDIDADES DE 0 A 5 E 5 A 10 CM, E EM DUAS ÉPOCAS DE AVALIAÇÃO (PRIMAVERA 2018 E OUTONO 2019) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.

	CBM	Ctotal	Ntotal	NBM	RM	qCO ₂	qMic
	mg Cmic kg ⁻¹ solo	g kg ⁻¹ solo	mg N kg ⁻¹ solo	mg C-CO ₂ kg ⁻¹ solo h ⁻¹	mg C-CO ₂ kg ⁻¹ solo h ⁻¹	mg C-CO ₂ kg ⁻¹ solo h ⁻¹	%
<i>Doses (média de profundidades e épocas)</i>							
	m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹						
0	70 b	16,0	1,5	15 b	0,52 c	0,007	0,49
60	95 ab	16,4	1,6	22 ab	0,61 bc	0,006	0,62
120	95 ab	18,0	1,8	25 ab	0,70 ab	0,008	0,55
180	107 a	18,9	1,6	32 a	0,75 a	0,008	0,65
CV (%)	3,27	48,2	15,5	7,4	34,09	26,3	42,3
Equação Reg.	0,182x + 75,3	ns	ns	0,087x + 15,5	0,001x + 0,5	ns	ns
R ²	0,84			0,97	0,98		
<i>p valor</i>	0,003	0,031	0,212	0,005	0,0308	0,338	0,199
<i>Profundidade (média de doses e épocas)</i>							
0-5 cm	106 a	17,8 a	1,7 a	30 a	0,76 a	0,0078 a	0,59 a
5-10 cm	78 b	16,9 a	1,6 a	17 b	0,53 b	0,0072 a	0,56 a
<i>p valor</i>	0,0001	0,139	0,136	0,0001	0,002	0,228	0,522
<i>Época (média de doses e profundidade)</i>							
Primavera	93,61 a	19,5 a	1,8 a	30 a	0,73 a	0,0081 a	0,73 a
Outono	89,79 a	15,2 b	1,5 b	17 b	0,57 b	0,0069 b	0,57 b
<i>p valor</i>	0,569	0,0013	0,0067	0,0002	0,0001	0,0378	0,0001

Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5%.

FONTE: O autor (2020)

O aumento de CBM e NBM em função da aplicação do DLB pode ser uma resposta à maior capacidade de imobilização de C e N no sistema pela comunidade microbiana (BALOTA et al., 2012), em função da adição de fontes de carbono e nitrogênio ao solo (GRAHAM et al., 2002). Esse resultado indica que a utilização do DLB ao longo do tempo forneceu subsídios para a comunidade microbiana realizar as suas funções no solo, a exemplo das transformações bioquímicas dos elementos no processo de ciclagem de nutrientes e da exsudação de compostos orgânicos para a estabilização de agregados.

Estudos realizados anteriormente, em outras condições edafoclimáticas mostraram aumento do CBM e NBM com a utilização de dejetos de animais. Müller et al. (2014) avaliaram a influência de adubos orgânicos na população microbiana e sua atividade num Latossolo Amarelo Eutrófico típico de textura média e verificaram que os esterco de aves e bovinos aumentaram os valores de CBM. Resultado semelhante foi encontrado por Shi et al. (2017), analisando o efeito de frações de DLB em dois ensaios de diferentes durações sob biomassa, atividade enzimática e composição da comunidade microbiana no solo na região costeira sul da Colúmbia Britânica, Canadá.

Ao utilizar dejetos líquidos de suínos, Dornelles et al. (2017) destacaram aumento de CBM em um Latossolo Vermelho Aluminoférrico típico com textura argilosa, no Sul do Brasil. Balota et al. (2012 e 2014) e Zhang et al. (2018) chegaram ao mesmo resultado, avaliando a aplicação de doses de dejetos de suínos em Latossolo Vermelho Eutrófico sob plantio direto na região de Palotina, oeste do Estado do Paraná e em três solos do sul da China, respectivamente.

A RM variou de 0,52 a 0,75 mg C-CO₂ kg⁻¹ solo seco h⁻¹ entre as doses diferenciando-se entre o tratamento controle e as maiores doses (120 e 180 m³ ha⁻¹ ano⁻¹). O aumento da RM pode estar relacionado ao incremento de energia à comunidade microbiana via nutrientes pela aplicação de DLB, estimulando, assim, a atividade. Porém, o qCO₂ não foi influenciado pela aplicação de DLB ao longo do tempo e os valores variaram de 0,006 a 0,008 mg C-CO₂ mg Cmic⁻¹ kg solo⁻¹ h⁻¹. O quociente metabólico do solo (qCO₂) representa a taxa de respiração liberada pela biomassa microbiana, ou seja, a quantidade de emissão de CO₂ por unidade de biomassa em um determinado tempo, e é conhecido como um indicador sensível às alterações no manejo dos sistemas. A similaridade no

qCO₂ entre os tratamentos indica que a aplicação de DLB ao longo do tempo não está afetando negativamente a atividade da comunidade microbiana e que a mesma está sendo eficiente em incorporar C na biomassa ao invés de perdê-lo para a atmosfera na forma de CO₂. Dornelles et al. (2017) também chegaram a resultados similares de qCO₂ com a aplicação de composto orgânico de resíduo sólido urbano e dejetos líquidos de suíno em um Latossolo Vermelho Aluminoférrico no Sul do Brasil.

O qMic expressa a proporção do carbono orgânico total do solo que está imobilizado na biomassa microbiana. Nesse estudo, o qMic variou de 0,49 a 0,65 % entre as doses e não foi influenciado pela aplicação de DLB ao longo do tempo. Acredita-se que a razão para esta similaridade entre os tratamentos se deve ao fato de que a área deste estudo é manejada sob sistema plantio direto há 28 anos e práticas como adubação mineral conforme necessidade da cultura, deposição de resíduo vegetal na superfície associada ao não revolvimento do solo favorecem o acúmulo de nutrientes no solo que posteriormente ficam disponíveis, por isso, a comunidade microbiana não está competindo entre si. Com o objetivo de avaliar os efeitos da aplicação de lodo de esgoto no crescimento da peônia arbórea e nas propriedades químicas, microbiológicas e bioquímicas do solo, Xue & Huang (2013) encontraram valor de qMic inferior a 1 % com aplicação de composto com 75 % de lodo. Esses autores consideraram que a baixa taxa de qMic se deu em função da grande disponibilidade de carbono orgânico total em função do lodo, que provocou baixa capacidade de mineralização do carbono pelos microorganismos, tal como se verificou no presente trabalho.

3.1.2. ATIVIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM FUNÇÃO DA PROFUNDIDADE

Os indicadores CBM, NBM e RM, na média de doses e épocas, apresentaram diferenças entre as profundidades (Tabela 2). Os valores foram de 106 mg C_{mic} kg⁻¹, 30,1 mg N kg⁻¹ e 0,76 mg C-CO₂ kg⁻¹ dia⁻¹, respectivamente, na profundidade de 0-5 cm e de 78 mg C_{mic} kg⁻¹, 16,5 mg N kg⁻¹ e 0,53 mg C-CO₂ kg⁻¹ dia⁻¹, na de 5-10 cm, respectivamente.

A maior imobilização de C e N pela biomassa microbiana na profundidade de 0-5 cm se deve ao maior teor desses elementos depositados na superfície do solo por meio do DLB sem incorporação, e resíduos de plantas, em sistema plantio direto, durante os 14 anos. Peacock et al. (2001) também observaram aumentos significativos em CBM e NBM na profundidade de 0-5 cm do solo com aplicação de DLB por cinco anos.

Quanto ao C e N totais do solo após 14 anos da adição de DLB não houve diferença entre as doses, considerando a profundidade de 0-10 cm. Na média das épocas, o C_{total} variou de 16 a 18 g kg⁻¹ entre o tratamento testemunha e a maior dose de DLB, enquanto que o N_{total} variou de 1,5 a 1,6 g kg⁻¹, entre as mesmas doses. Os níveis de C_{total} nos tratamentos foram acima de 15 g kg⁻¹, valor considerado alto, segundo o manual de adubação e calagem para o Estado do Paraná (2017). Acredita-se que a razão para a similaridade do C_{total} entre os tratamentos se deve ao fato da área de estudo ser manejada sob sistema plantio direto há 28 anos, com adubação mineral e práticas como deposição de resíduo vegetal na superfície associada ao não revolvimento do solo favorecem o acúmulo de C no solo.

Estudo realizado na mesma área por Silvano (2011), após seis anos de aplicação de DLB, o C_{total} apresentou aumento em função das doses de DLB. O valor do C_{total} variou de 17 a 25 g kg⁻¹ na profundidade de 0-5 cm entre o tratamento controle e a dose de 180 m³ ha⁻¹ ano⁻¹, respectivamente.

Nesse sentido, pelo aporte de nutrientes ao solo oriundo da aplicação sucessiva de DLB ao longo do tempo aliada à adubação mineral, a estrutura da comunidade microbiana sofreu alteração e sua atividade, determinada pelo CBM, pelo NBM e pela RB foi estimulada, promovendo o desenvolvimento das suas atividades e funções. A similaridade de qCO_2 e $qMic$ (Tabela 2) entre os tratamentos sugere maior eficiência em incorporar o C ao invés de perdê-lo na forma de respiração tanto com ou sem adição de DLB.

3.1.3. ATIVIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM FUNÇÃO DA ÉPOCA

Os indicadores microbiológicos do solo CBM, NBM, RM, qCO_2 e $qMic$ e os atributos químicos C e N totais apresentaram diferença com a aplicação do DLB, quando avaliados em épocas diferentes (Tabela 2). Os valores foram maiores na Primavera em relação ao Outono. Esse resultado pode ser explicado pelas condições climáticas. Apesar dos valores reais de temperatura serem semelhantes no momento da coleta, na Primavera, a temperatura apresentava um comportamento crescente; ao contrário do Outono, que apresentava um declínio (Figura 1). Por outro lado, as diferenças nestas variáveis também podem estar relacionadas ao aumento da disponibilidade de nutrientes, como o carbono e o nitrogênio, que são fontes de energia para a comunidade microbiana e favorecem seu crescimento (ESPÍNDOLA et al., 2001).

O maior valor de qCO_2 e RM na Primavera indica uma comunidade microbiana mais ativa em relação a do Outono. Acredita-se que esse fato se deve a maior disponibilidade de C_{total} (Tabela 2) e condições ambientais mais favoráveis (Figura 1), as quais a comunidade microbiana foi sujeita. Na primavera, a temperatura teve um comportamento crescente alinhado à adequada disponibilidade de nutrientes, o que favoreceu maior atividade da comunidade microbiana, refletindo em maiores qCO_2 e RM.

O valor de C_{total} variou de $19,5 \text{ g kg}^{-1}$ e $15,2 \text{ g kg}^{-1}$ entre Primavera e Outono, e o N_{total} de $1,8 \text{ g kg}^{-1}$ e $1,5 \text{ g kg}^{-1}$, respectivamente. O aumento no estoque de C no solo pode estar relacionado ao aumento na disponibilidade de N no sistema (SOUZA et al. 2009) fornecido pelo DLB e pela prática de manejo do solo. Por outro lado, a diferença de C e N totais entre as épocas se deve à adição desses elementos no solo via decomposição de resíduos vegetais. A área foi conduzida no sistema de plantio direto em rotação com trigo e aveia preta no inverno e soja e milho, no verão por 14 anos. Antes da coleta da primavera, a soja (leguminosa) foi a cultura do verão anterior e a aveia preta (gramínea), a cultura do inverno na área. O emprego de leguminosas em rotação de cultura é muito utilizado por realizarem a fixação do nitrogênio atmosférico, resultando em economia de N para a cultura subsequente (ANDRIOLI, et al. 2008), já as gramíneas contribuem com maior aporte de carbono no solo (BARRETO et al.,

2006), formação e estabilização de agregados (SILVA & MIELNICZUK, 1998). No conjunto, essas duas culturas promoveram aporte de C e N ao sistema.

3.2. ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA EM UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO EM PONTA GROSSA-PR

Houve diferença da estrutura da comunidade microbiana entre as épocas do ano analisadas pelas Unidades Operacionais Taxonômicas (OTU, sigla em inglês) obtidas a partir dos primers universais de 16S rRNA. Nesse sentido, os resultados de cada época serão discutidos em separado.

3.2.1. ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018)

A avaliação na época da Primavera (Novembro 2018) indicou que a utilização de DLB ao longo de 14 anos não afetou a riqueza dos filamentos de bactérias e arqueas da comunidade microbiana, independente da dose. Porém, houve influência sobre a abundância relativa dos indivíduos em cada filo (diversidade).

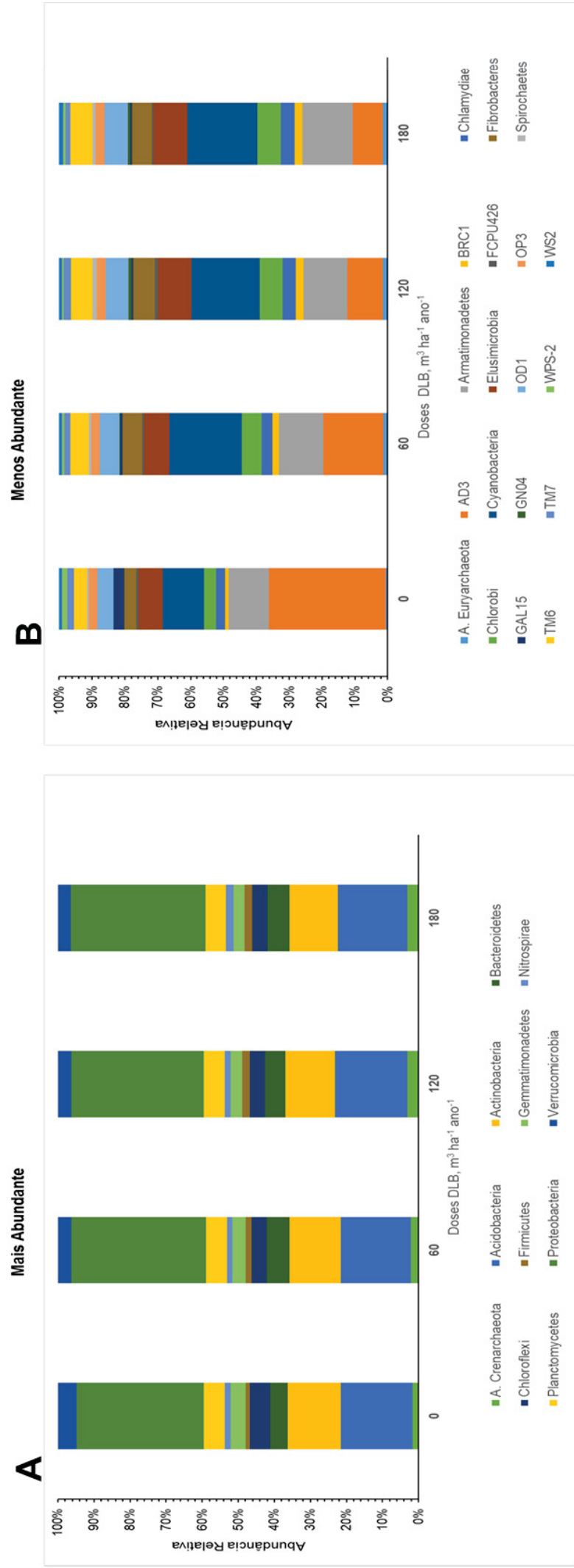
A semelhança na riqueza dos filamentos da comunidade microbiana entre as doses de DLB aplicadas ao longo do tempo se deve ao fato de que a área de estudo se encontra em sistema plantio direto consolidado (28 anos de condução) em solo com a mesma classe textural e sistemas de culturas iguais, revelando um estágio de estabilidade das comunidades microbianas do solo em função das condições impostas pelo sistema de manejo. Sendo assim, sistemas agrícolas com manejo de baixo impacto e em determinado estágio de consolidação confere uma certa resiliência ao microbioma, permitindo que mantenham as suas funções ecossistêmicas.

Esse resultado é semelhante ao que encontrou Shi et al. (2017) em um dos seus estudos avaliando o efeito de DLB em dois ensaios de diferentes durações, históricos de cultivo e frações do dejetos sobre a biomassa, a atividade enzimática e a composição da comunidade microbiana no solo na região costeira sul da Colúmbia Britânica, Canadá. Chen et al. (2017) analisando propriedades químicas do solo, atividade enzimática, rendimento de milho e desenvolvimento

da comunidade bacteriana do solo em Yantai, Província de Shandong, China, verificaram que o dejetos suíno não afetou a riqueza de filos de bactérias, porém, afetou a distribuição dos indivíduos em cada filo ou grupo. Comparando a utilização de dejetos suíno em três solos diferentes em ensaios de incubação em laboratório, Larkin; Honeycutt & Griffin (2006) observaram aumento de população bacteriana do solo em função da utilização do dejetos porém, atribuíram o tipo de solo como fator dominante para esse resultado.

Analisando a distribuição dos indivíduos em cada filo, considerou-se os mais abundantes aqueles com frequência maior ou igual a 2 %. Assim, entre todas as doses, os mais abundantes foram: Proteobacteria (35 %), Acidobacteria (19 %), Actinobacteria (13 %), Bacteroidetes, Planctomycetes (6 %), Chloroflexi e Verrucomicrobia (4 %), Gemmatimonadetes (3 %), Archea Crenarchaeota, Nitrospirae, Firmicutes 2 % (Figura 2A).

FIGURA 2. ABUNDÂNCIA RELATIVA DOS FILOS MAIS ABUNDANTES (A) E DOS FILOS MENOS ABUNDANTES (B) DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0-10 CM, AVALIADA NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018), NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.



FONTE: O autor (2020)

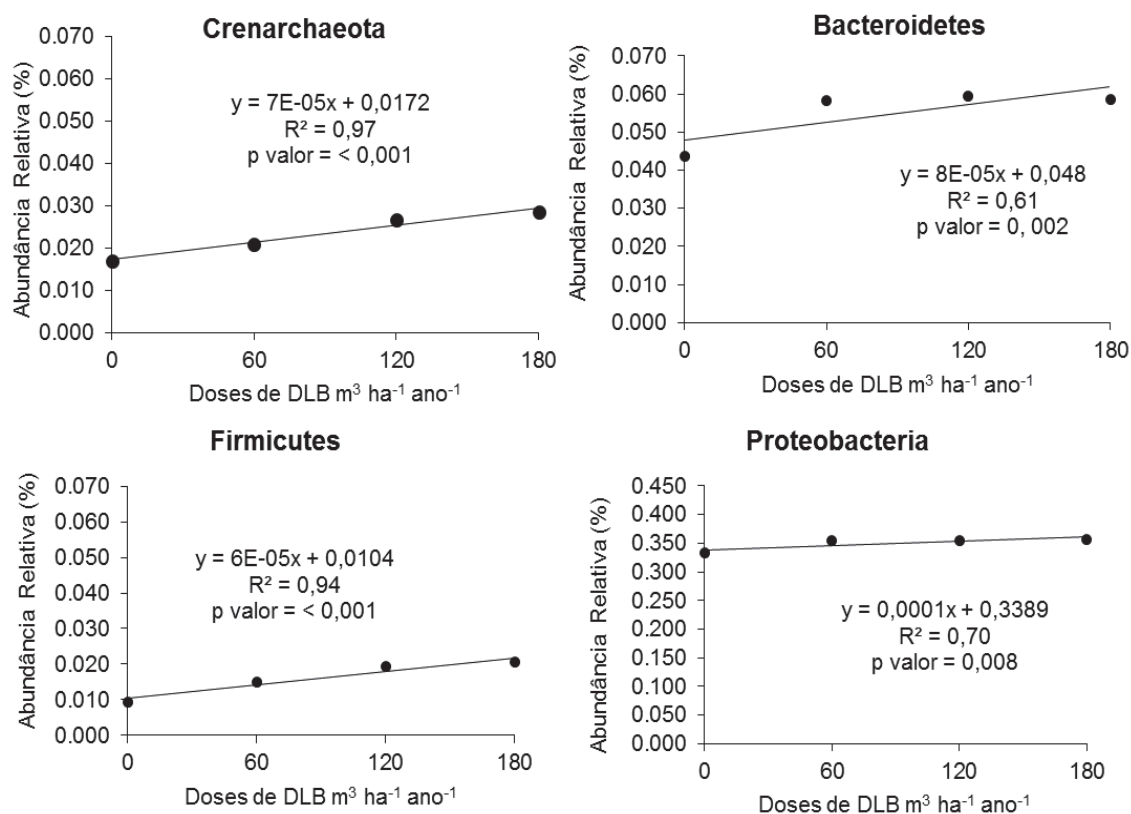
Estudos realizados por Yang et al. (2019) com cama de aves e dejetos bovinos e Pandey et al. (2018) utilizando dejetos bovinos líquidos e sólidos sob a estrutura da comunidade microbiana indicaram presença de filos como Bacteroidetes, Proteobacteria, Firmicutes, Chloroflexi, Actinobacteria, Bacteroidetes, Planctomycetes, Verrucomicrobia, tal como no presente estudo.

Os filos Proteobacteria, Acidobacteria e Actinobacteria foram os mais abundantes, respondendo por mais de 67 % das leituras (Figura 2A). Estes filos são de grande importância para o ecossistema, porque desempenham papéis fundamentais nos ciclos de carbono, enxofre e nitrogênio (MADIGAM et al., 2016). A abundância desses grupos de microrganismos no solo pode estar diretamente relacionada ao estado nutricional do mesmo (SMIT et al., 2001) uma vez que, tanto o sistema plantio direto ao qual a área é manejada, como o DLB, que é adicionado, proporcionam maior disponibilidade de nutrientes (BARCELLOS et al., 2015).

Dentro do domínio bactérias, o filo Proteobacteria constitui o maior e mais diverso grupo filogenético fenotipicamente (KERSTERS et al., 2006). A sua abundância no solo está relacionada com a alta diversidade metabólica (CHODAK et al., 2015), o que lhe confere a capacidade de se adaptar a vários habitats. Segundo Bruto et al. (2014), as bactérias que compõem este filo podem ser consideradas como promotoras do crescimento vegetal. Do ponto de vista agrícola, é uma característica benéfica, uma vez que essas bactérias atuam suprindo diretamente a demanda vegetal por nutrientes (P, K, Fe) e água, aumento da resistência e tolerância das plantas contra estresses bióticos e abióticos (SPOLAOR et al., 2016). Por outro lado, membros do filo Proteobacteria incluem gêneros patogênicos, tais como *Xanthomonas*, *Ralstonia*, entre outras, que podem causar problemas em culturas de grande importância econômica (MANSFIELD et al., 2012), o que não seria interessante.

Do conjunto de filos das OTUs obtido pela análise realizada, a utilização de doses crescentes de DLB ao longo do tempo ocasionou um efeito diretamente proporcional à abundância relativa apenas dos filos Bacteroidetes, Proteobacteria, Firmicutes e da arquea Crenarchaeota (Figura 3). Esse resultado corrobora com Teng et al. (2009) que sugeriram que a adição de dejetos ao solo pode estimular algumas espécies de bactérias tornando-as mais abundantes.

FIGURA 3. ABUNDÂNCIA RELATIVA DE FILOS DE ARQUEA (CRENARCHAEOTA) E BACTÉRIAS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO COM EFEITO DIRETAMENTE PROPORCIONAL À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($\text{m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0 A 10 CM NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.



FONTE: O autor (2020)

O aumento da abundância nos filos de arquea Crenarchaeota e de bactéria Firmicutes com a adição do DLB foi linear (Figura 3). Os valores de ambos os filos variaram de 1,7 a 2,3 % e 0,9 a 2,2 %, respectivamente entre o tratamento controle e o tratamento com a dose $180 \text{ m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$. O filo Crenarchaeota pertence aos organismos oxidantes de amônia e desempenham papel importante na fixação de C e nitrificação do metabolismo do N (ZHANG et al., 2012). Esses indivíduos são descritos como mais ativos em ambientes oligotróficos (WALKER et al., 2010), locais com baixos valores de salinidade e valores pH extremos (0,5 e 9) (PIKUTA, 2011). Porém, neste trabalho observa-se maior abundância deste filo nas maiores doses de DLB onde há maior

disponibilidade de nutrientes, resultado diferente ao que estes autores encontraram.

Os filos Bacteroidetes e Proteobacteria tiveram um comportamento similar, apresentando aumento linear entre o tratamento controle e a dose de $180 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ do DLB, com valores entre 4 a 6 % e 33 a 35 %, respectivamente.

As bactérias do filo Bacteroidetes são microrganismos encontrados em diversos habitats e também são conhecidos por apresentar características quimiorganotróficas capazes de degradar vários polímeros (KIRCHMAN, 2002). Há relatos que esses organismos também são copiotróficos, porque sua abundância relativa no solo pode aumentar após a adição de carbono (EILERS et al., 2010a). Já organismos pertencentes ao filo Firmicutes são bactérias gram-positivas com baixo teor de guanina-citosina e metabolismo caracterizado por homo e heterofermentação, assim, permitem que prevaleçam em ambientes com grande quantidade de nutrientes disponíveis (MADIGAN et al., 2016), como é o caso desse estudo.

Analisando a decomposição de dois resíduos de plantas e a utilização de dejetos suíno sobre a estrutura da comunidade microbiana, Pascault et al. (2013) e Leclercq et al. (2016) observaram tal como neste estudo, com exceção do filo Actinobactéria, que as adições desses resíduos em solos agrícolas resultaram em aumentos de Bacteroidetes, Proteobactérias e Firmicutes. Smit et al. (2001) relataram a hipótese de haver maior abundância do filo Proteobacteria à medida que aumenta a disponibilidade de nutrientes em solos agrícolas, assim como no presente trabalho. Posteriormente, Madigan et al. (2010) destacaram que bactérias pertencentes a esse filo crescem rapidamente em ambientes ricos em nutrientes e são decompositores de substrato facilmente degradável. Esse fato pode ser explicado pela presença de matéria orgânica adicionada ao solo via restos de materiais vegetais e DLB que são práticas utilizadas na área em estudo.

Quando se adicionou DLS aos solos, Suleiman et al. (2016) e Rieke et al. (2018) observaram aumento de Bacteroidetes e Firmicutes. De acordo com Kumari & Sudiarto (2015), os próprios resíduos, como DLS, trazem em sua constituição bactérias dos filos Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Spirochaetes e Tenericutes. Não foi feita a análise da estrutura da comunidade

microbiana no DLB aplicado nesse estudo, porém, Jesus et al. (2015) caracterizando a diversidade bacteriana do microbioma ruminal de bovinos da raça Nelore relataram que os filos mais abundantes no rúmen bovino são: Bacteroidetes, Firmicutes, Proteobactéria e algumas arqueas que não são cultivadas. Logo, acredita-se que esses filos possam estar presentes no DLB e que, após adicionado ao solo, alteraram a abundância relativa do microbioma edáfico.

Assim como o aumento das doses de DLB ao longo do tempo apresentou relação direta com a abundância de alguns filos no solo, também causou um efeito inverso. Observa-se à medida que aumentou as doses de DLB, do conjunto de filos das OTUs obtido pela análise realizada, apenas os filos Gemmatimonadetes, Verrucomicrobia, Chloflexi, Actinobactérias e AD3 tiveram um efeito inversamente proporcional (Figura 4). Cabe ressaltar que mesmo com a diminuição da abundância relativa desses filos, eles ainda foram considerados os mais abundantes por apresentarem abundância relativa maior 2 %, a exceção de AD3.

Para os filos Gemmatimonadetes, Verrucomicrobia e Actinobactérias não houve diferença da utilização de DLB ao longo do tempo entre o tratamento controle e a dose de $60 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Porém, houve diferença a partir da dose de $120 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$, sugerindo que esses filos sofrem uma influência negativa nas doses maiores.

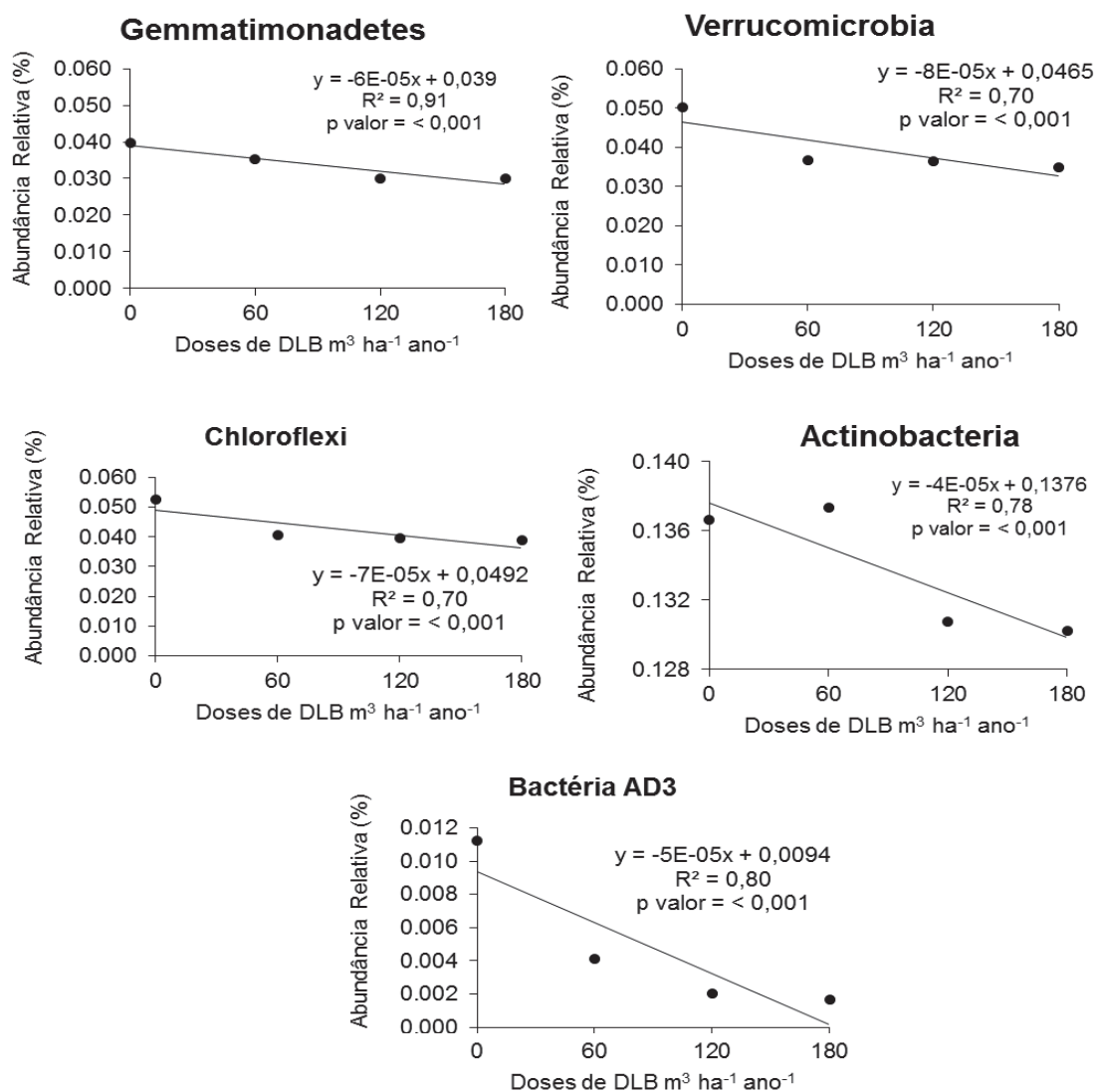
O filo de bactérias Gemmatimonadetes trata-se de organismos aeróbios, gram-negativos que se reproduzem por gemulação (ZHANG et al., 2003). A Verrucomicrobia é onipresente no solo em uma série de biomas na Antártica, Europa e nas Américas e dominante nas pastagens e em horizontes subterrâneos do solo (BERGMANN et al., 2011). Navarrete et al. (2015) indicaram que a proporção relativa de Verrucomicrobia diminuiu após o aumento da fertilidade do solo. Contudo, as funções de ambos os filos nos ecossistemas do solo não são bem entendidas.

As bactérias do filo Actinobacteria são gram-positivas que podem executar várias funções no solo como decomposição da matéria orgânica (STRAP, 2011), fixação de nitrogênio, produção de antibióticos (SHIVLATA & SATYANARAYANA, 2015). O aumento de Actinobacteria melhora os agregados do solo, devido ao crescimento de suas hifas (KENEDY, 1999).

Chloroflexi, que consistem principalmente em bactérias fototróficas anoxigênicas filamentosas, é um filo termofílico que está bem adaptado às condições de seca (HUGENHOLTZ & STACKEBRANDT, 2004). Este filo é abundante em solos com baixa disponibilidade de nutrientes (WILL et al., 2010). Nesse sentido, pode-se inferir que a aplicação do DLB ao longo do tempo melhorou a fertilidade do solo e, conseqüentemente, diminuiu a abundância deste filo.

Já o filo de bactéria AD3 é pouco estudado. Segundo Hur et al. (2011), baixo pH baixo do solo ou a alta concentração de metais em solos de minas parecem ser responsáveis pela alta abundância deste filo.

FIGURA 4. ABUNDÂNCIA RELATIVA DE FILOS DE BACTÉRIAS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO COM EFEITO INVERSAMENTE PROPORCIONAL À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($\text{m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0 A 10 CM NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.



FONTE: O autor (2020)

Diminuição da abundância de Acidobactérias, Actinobactérias, Cloroflexos, Planctomicetos e Verrucomicrobianos foi identificado por Suliman et al., (2016) com a aplicação de DLS, resultados similares encontrados no presente trabalho para os filos Actinobactérias, Cloroflexos e Verrucomicrobianos. Esse fato foi associado às características fisiológicas

desses filios uma vez que são oligotróficos de crescimento lento. Foi observado neste estudo que, a adição de DLB melhorou a fertilidade do solo e conseqüentemente diminuiu a abundância desses filios que são característicos de ambientes com baixa fertilidade. Além disso, Ryckeboer et al. (2003) sugeriram a ineficácia dessas bactérias em competir contra outras em solos sob altas condições nutricionais.

Diminuição significativa da proporção média de bactérias gram-positivas para gram-negativas no solo contendo esterco bovino em compostagem, comparando com solo sem esterco bovino nos meses de inverno e verão foram observadas por Watts et al. (2010). Isso foi atribuído, principalmente, à adição de C orgânico ao solo, a partir do esterco bovino em compostagem que forneceu um substrato mais estável e prontamente disponível para suportar níveis mais altos de atividade microbiana para bactérias gram-negativas, favorecendo, assim, o aumento dessas e a conseqüente diminuição das bactérias gram-positivas (PEACOCK, 2001). Esse resultado é similar ao que se encontrou no presente trabalho, para bactérias dos filios Proteobacteria e Bacteroidetes tidas como gram-negativas e Actinobacteria como exemplo de bactérias gram-positivas. Porém, existe outros filios de bactérias gram-negativas que também diminuíram com a utilização de dejetos a exemplo de Verrucomicrobia e Chloroflexi.

A utilização de doses sucessivas de DLB ao longo do tempo aumentou proporcionalmente filios de bactérias associados ao rúmex dos bovinos e filios que crescem rapidamente em ambientes ricos em nutrientes a exemplo de Proteobacteria, Bacteroidetes e Firmicutes. Esses, desempenham funções no solo como decomposição de substrato e ciclagem de nutrientes (MADIGAM et al., 2016; ARAUJO et al., 2012; GAO et al., 2019). Porém, a aplicação de DLB também causou um efeito inversamente proporcional em filios como Gemmatimonadetes, Verrucomicrobia, Chloroflexi, Actinobacteria, que também desempenham as mesmas funções com exceção de Actinobacteria que por possuírem hifas melhoram a estrutura do solo (ANANDAN et al., 2016; GAO et al., 2019). Esse fato requer mais atenção uma vez que, existem vários filios, cujas funções no solo não são bem conhecidas e a diminuição da abundância desse filo com a adição de DLB pode comprometer o desempenho dessas funções nos ecossistemas.

Os filios com abundância relativa menor do que 2 % foram considerados menos abundantes e foram: Euryarchaeota, AD3, Armatimonadetes, BRC1, Chlamydiae, Chlorobi, Cyanobacteria, Elusimicrobia, FCPU426, Fibrobacteres, GAL15, GN04, OD1, OP3, Spirochaetes, TM6, TM7, WPS-2, WS 2 (Figura 2B). Há registro que esses filios se desenvolvem em locais de baixa fertilidade como é reportado para Armatimonadetes (LEE; DUNFIELD & STOTT, 2014). Tem-se o exemplo de AD3 que na presença de doses de DLB diminuiu a sua abundância relativa (Figura 4), evidenciando que em ambientes mais ricos em nutrientes, o desenvolvimento dos indivíduos desse filo é inibido.

Os organismos do filo de arqueas Euryarchaeota participam do ciclo do carbono (GU et al., 2018) e são encontrados em ambientes anóxicos, por exemplo em áreas úmidas, solos de arroz e sedimentos marinhos (LIU & WHITMAN, 2008).

As bactérias do filo Armatimonadetes são gram-negativas, estritamente aeróbias, quimio-heterotróficas com metabolismo à base de carboidratos (LEE; DUNFIELD & STOTT 2014). Segundo esses autores, organismos deste filo foram descritos recentemente e as funções que realizam no solo não são bem conhecidas.

Os membros do filo Fibrobacteres são definidos como indivíduos gram-negativos anaeróbios capazes de degradar biomassa vegetal no intestino dos herbívoros (JULLIAND et al., 1999). Estudos indicam presença deste filo em outros ambientes anóxicos, a exemplo de órgãos intestinais de cupins, aterros sanitários e lagos de água doce, onde realizam degradação da celulose (RANSOM-JONES et al., 2012).

Dentro do filo Cyanobacteria são encontrados bactérias fototróficas que têm a capacidade de colonizar ambientes muito diversos, graças à sua extraordinária resistência a distintas condições ambientais (RASTOGI; SONANI & MADAMWAR, 2014). A maioria ocorre em água doce, mas, também, são encontrados em ecossistemas marinhos, águas salobras e solos (SANT'ANNA et al., 2011). Desempenham importantes funções no solo, como aumento da estabilidade e fixação do nitrogênio atmosférico (FIORE et al. 2005).

O filo Chlorobi, também conhecido como Green bactérias sulfurosas, são fotolitotróficos obrigatórios que realizam fotossíntese anaeróbica (FRÖSTL &

OVERMANN, 2000). De acordo com Madigan et al. (2016), organismos deste filo podem realizar fixação biológica de nitrogênio.

Vale destacar que existem filios de bactérias com escassez de informações em sua ecologia, filogenia e fisiologia. Isso pode ser atribuído às dificuldades associadas ao cultivo e detecção molecular dos indivíduos (RANSOM-JONES et al., 2012). Este fato limita a capacidade de entender processos ecológicos e biogeoquímicos que determinados filios realizam no solo (WU et al., 2009).

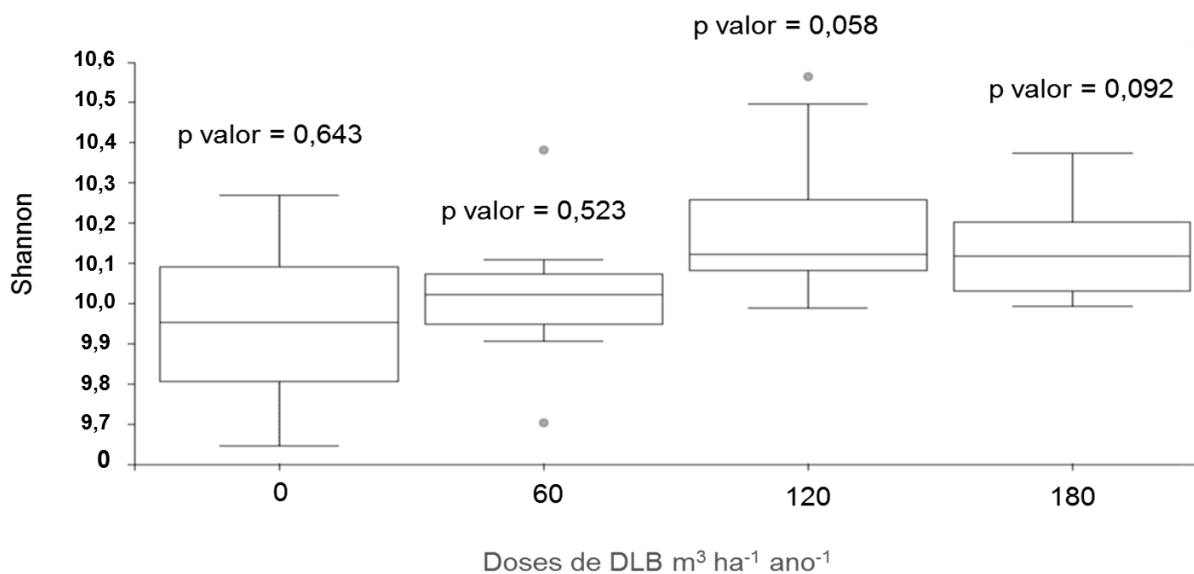
Analisar a funcionalidade da comunidade microbiana pode apresentar uma valiosa abordagem na avaliação da resposta dos ecossistemas às ações antrópicas, como a utilização de DLB. Tanto os filios que tiveram a sua abundância relativa aumentada pelo DLB, como os que tiveram a sua abundância relativa diminuída realizam funções semelhantes no solo. Esse mecanismo é denominado redundância funcional, interpretada como manutenção da continuidade dos processos biológicos, onde a perda de uma espécie seria compensada pela presença de outras, que desempenham a mesma função (KENNEDY, 1999). Para sistemas produtivos que utilizam DLB, a ocorrência de redundância funcional é de extrema importância uma vez que, permite a manutenção da funcionalidade da comunidade microbiana do solo mesmo com a alteração imposta pelo dejetos.

De acordo com a teoria da razão de recursos, a função de um agente biológico varia de acordo com as mudanças nas ofertas e nas proporções dos recursos limitantes ao crescimento dentro de um sistema (FANIN et al., 2015). Portanto, para a época Primavera, aceita-se a inicial hipótese desse trabalho, pois ficou evidente que a utilização de DLB ao longo do tempo como prática de manejo do solo aumentou a disponibilidade de nutrientes favorecendo o desenvolvimento de filios que se desenvolvem rapidamente em ambientes ricos em nutrientes e, conseqüentemente, diminuiu a abundância de outros. Logo, houve mudanças na estrutura da comunidade microbiana. Como a adição de DLB alterou a estrutura da comunidade microbiana, é importante analisar se houve também modificação na atividade e funcionalidade dos microrganismos.

3.2.2. ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA NO OUTONO (ABRIL 2019)

A avaliação da estrutura da comunidade microbiana na época do Outono indicou que a utilização de DLB, independente da dose, ao longo de 14 anos não afetou a riqueza de filós nem a distribuição dos indivíduos dentro dos filós (diversidade) de bactérias e arqueas (Figura 5).

FIGURA 5. ÍNDICE DE DIVERSIDADE DE SHANNON DE FILOS DE BACTÉRIAS E ARQUEAS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($\text{m}^3 \text{ha}^{-1} \text{ano}^{-1}$) A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0 A 10 CM, AVALIADO NO OUTONO (ABRIL 2019) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.



FONTE: O autor (2020)

Sabe-se que a estrutura da comunidade microbiana do solo também está correlacionada com a disponibilidade de nutrientes no solo (SONG et al., 2018). Os valores de C e N totais foram menores na época do Outono (Tabela 2) e esses elementos são utilizados como fonte de energia para que os microrganismos possam realizar as suas funções (HOBBIE & HOBBIE, 2013). Analisando o sequenciamento do gene 16S rRNA sob mudanças nas propriedades do solo e nas comunidades microbianas das plantas e do solo

durante a sucessão secundária em áreas de cultivo abandonadas no Loess Plateau da China, Zhang et al. (2016) chegaram à conclusão de que o conteúdo de C orgânico, N total, N disponível e P disponível foram significativamente correlacionados com a abundância da maioria dos grupos bacterianos e com o índice de Shannon, indicando a dependência da diversidade da comunidade bacteriana no suprimento de nutrientes do solo. Nesse sentido, os baixos valores de C e N totais no Outono podem ter influenciado a estrutura da comunidade microbiana do solo.

Vale ressaltar que, a estrutura da comunidade microbiana também pode ser influenciada pelo sistema de cultura adotado e espécies vegetais em desenvolvimento, em função das variações impostas pela zona radicular (MENDES et al., 2014). A rotação de culturas promove mudanças na qualidade e quantidade de resíduos, na biomassa microbiana, na dinâmica da comunidade microbiana, e na ciclagem de carbono e nitrogênio por meio de alterações na decomposição dos resíduos vegetais (WRIGHT et al., 2008). O ambiente da rizosfera é bastante complexo, resultante da liberação de células, mucilagens, exsudados e lisados (KLUEPFEL, 1993). Sun et al. (2014) destacam que a rizosfera seleciona bactérias no solo através da exsudação de compostos lábeis pela raiz. Nesse sentido, a cultura em desenvolvimento no momento da coleta ou anterior a ela pode imprimir efeitos na estrutura da comunidade microbiana.

A área foi conduzida no sistema de plantio direto em rotação com trigo e aveia preta, no inverno, e soja e milho, no verão por 14 anos. A coleta de Outono foi realizada após o cultivo da soja. A partir da diferença entre a estrutura da comunidade microbiana entre os tratamentos na Primavera e a semelhança encontrada no Outono induz à conclusão de que a cultura em desenvolvimento afeta a estrutura da microbiota do solo. Benitez et al. (2017), avaliando os efeitos da rotação de culturas no desempenho das mudas de milho e seu microbioma associado em Dakota do Sul-EUA concluíram que, as plantas que compõem a rotação afetam a comunidade de bactérias e fungos do solo.

Determinando os efeitos da mudança atmosférica na composição e diversidade da comunidade microbiana no solo sob cultivo de soja e milho em Champaign, Illinois-EUA, Wang et al. (2017) observaram que os exsudatos de milho formaram comunidades microbianas rizosféricas mais diversas que a soja. Os autores ressaltaram que o domínio de Rizóbios (espécie que realiza fixação

simbiótica de nitrogênio aplicada junto à semente) na rizosfera da soja possa superar outros grupos, reduzindo a diversidade da comunidade microbiana do solo. Bogino et al. (2015) observaram que o gênero *Bradyrhizobium* também utilizado na inoculação da soja liberam uma substância (bradióxetina) que tem propriedades antibióticas e confere vantagens competitivas em relação às outras bactérias que fixam nitrogênio.

Sendo assim, os resultados indicam que as características das plantas influenciam a estrutura da comunidade microbiana do solo. Esses dados fornecem suportes para trabalhos futuros enfatizando que a definição da época da coleta é de extrema importância para o objetivo da pesquisa e que a cultura que está em desenvolvimento na área, em função dos exsudatos, determina a comunidade microbiana naquele momento.

3.3 INTERAÇÕES ENTRE AS PROPRIEDADES QUÍMICAS E E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA NA PROFUNDIDADE DE 0-5 E DE 5-10 CM DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO À LONGO PRAZO EM PONTA GROSSA-PR AVALIADAS NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018)

A partir da diferença apresentada na estrutura da comunidade microbiana induzida pelas doses de DLB ao longo de 14 anos na avaliação da Primavera (Novembro 2018), foi realizada a Análise de Componentes Principais (ACP) entre os atributos químicos e a distribuição dos filos da comunidade microbiana na profundidade de 0-5 cm e de 5-10 cm e está apresentada na Figura 6.

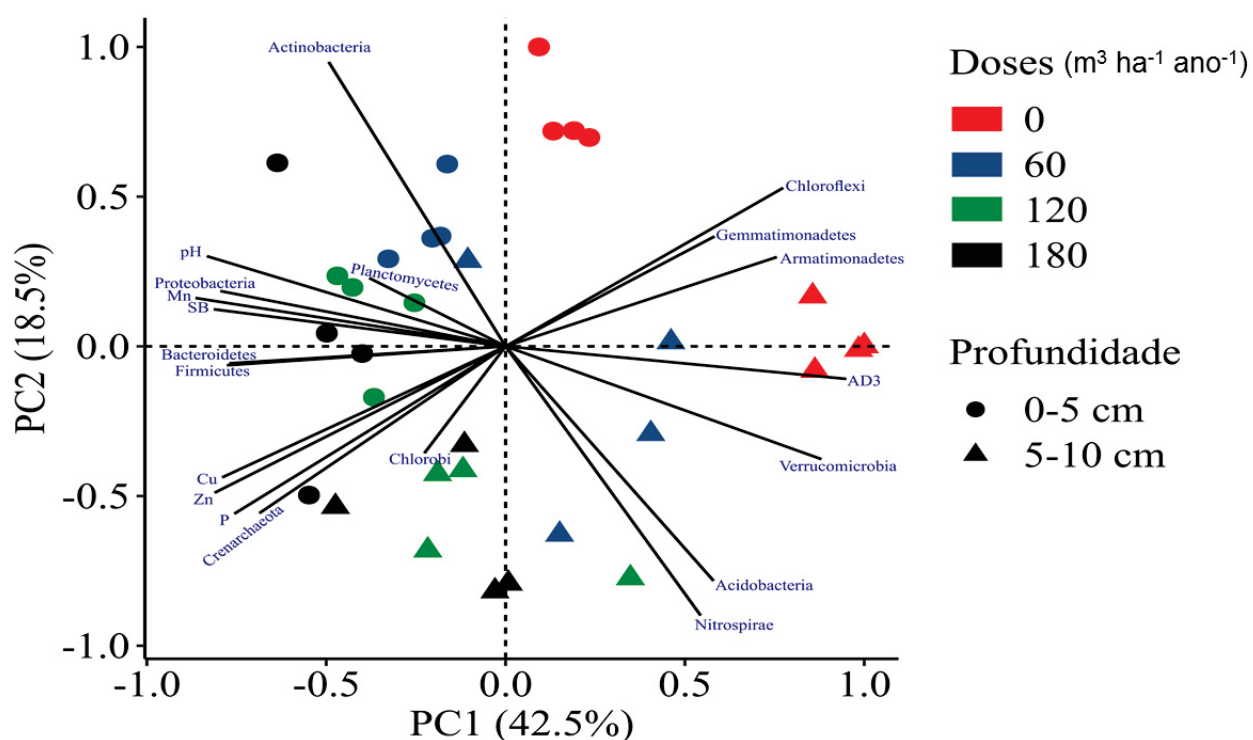
Houve separação entre as doses e os atributos analisados, sendo que o eixo X, primeira componente explicou 42,5 % das correlações dos dados, enquanto que o eixo Y, a segunda componente explicou 18,5 %.

Os filos Proteobacteria, Firmicutes e Bacteroidetes foram associados na profundidade de 0-5 cm nas doses mais altas de DLB e correlacionaram positivamente com pH, SB, Mn. Os filos da archea Crenarchaeota na profundidade de 0-5 cm e bactéria *Chlorobi* na profundidade de 5-10 cm foram correlacionados positivamente com o P, Zn^{2+} , Cu. Isso leva à confirmação de

que a aplicação de DLB ao longo do tempo aumentou o pH e a disponibilidade de nutrientes no solo, favorecendo, assim, maiores condições para o desenvolvimento destes filos. Filos como Proteobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes são tidos como organismos que desenvolvem rapidamente em meio rico em nutrientes.

Por outro lado, maiores teores de P, Zn²⁺, Cu foram negativamente correlacionados com os filos Gemmatimonadetes, Armantimonadetes Chlorflexi que diminuíram sua abundância com a adição de DLB evidenciando o efeito negativo da adição do DLB em alguns filos de bactérias.

FIGURA 6. ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS USANDO COMO VARIÁVEIS DE RESPOSTA OS DADOS DOS ATRIBUTOS QUÍMICOS E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM SISTEMA PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DEJETO LÍQUIDO BOVINO DLB ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO AVALIADO NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL DA FUNDAÇÃO ABC, PONTA GROSSA-PR.



FONTE: O autor (2020).

Vale destacar, a distribuição de filos de bactérias em relação as profundidades do solo (0-5 e 5-10 cm). Os filos de bactéria Nitrospirae, Verrumicrobia e AD3 foram relacionados à profundidade de 5-10 cm e

correlacionaram negativamente com pH, SB, Mn. Alguns destes filos são descritos como abundantes em solos com baixa disponibilidade de nutrientes (WILL et al., 2010; EILERS et al., 2012b), como na camada superficial a disponibilidade de nutrientes é maior estes organismos se desenvolveram na camada mais profunda.

As condições ambientais, como níveis de temperatura e de oxigênio podem afetar o ambiente da comunidade microbiana do solo (Feng et al., 2019). Estes autores ressaltam ainda que alterações nas características químicas do solo, como pH, carbono e nitrogênio totais, entre outros, com profundidade apresentam correlações positivas e/ou negativas com a diversidade da comunidade microbiana, tal como foi observado neste estudo.

Abundância de bactéria Nitrospirae nas camadas mais profundas também foi observado também por Will et al. (2010) analisando a comunidade bacteriana dos genes 16S rRNA na composição no solo superficial e no subsolo de nove diferentes locais de pastagem na região de Hainich, Alemanha. Estudos apontam que estes organismos têm uma vantagem seletiva em solos mais profundos (DAIMS et al., 2001) e são raramente encontrados na rizosfera (DUNBAR et al., 2002).

Os isolados de bactéria Verrucomicrobia são metabolicamente diversos e incluem aeróbios, anaeróbios facultativos e anaeróbios obrigatórios, e são, principalmente, heterotróficos, usando vários mono, oligo e polissacarídeos para o crescimento (QIU et al., 2014). Neste sentido, a maior presença deste filo na profundidade de 5-10 indica que estes organismos são anaeróbios e com isto estão concentrados na camada mais profunda.

O efeito direto entre os filos Firmicutes, Crenarchaeota e Gemmatimonadetes, Chloflexi e entre Actinobacteria, Fibrobacteres, Cyanobacteria, Plantomycetes, Fribrobacteres e Acidobacteria, Verrucomicrobia mostra que aumento da abundância relativa de um determinado filo diminuiu a do outro, revelando o efeito antagonista. Raverkar & Konde (1988) haviam alertado que a estabilidade da comunidade microbiana do solo também pode sofrer modificações influenciadas pelas interações benéficas e/ou antagônicas dos microrganismos, determinando a composição da comunidade microbiana, exatamente como se observou com os resultados deste estudo.

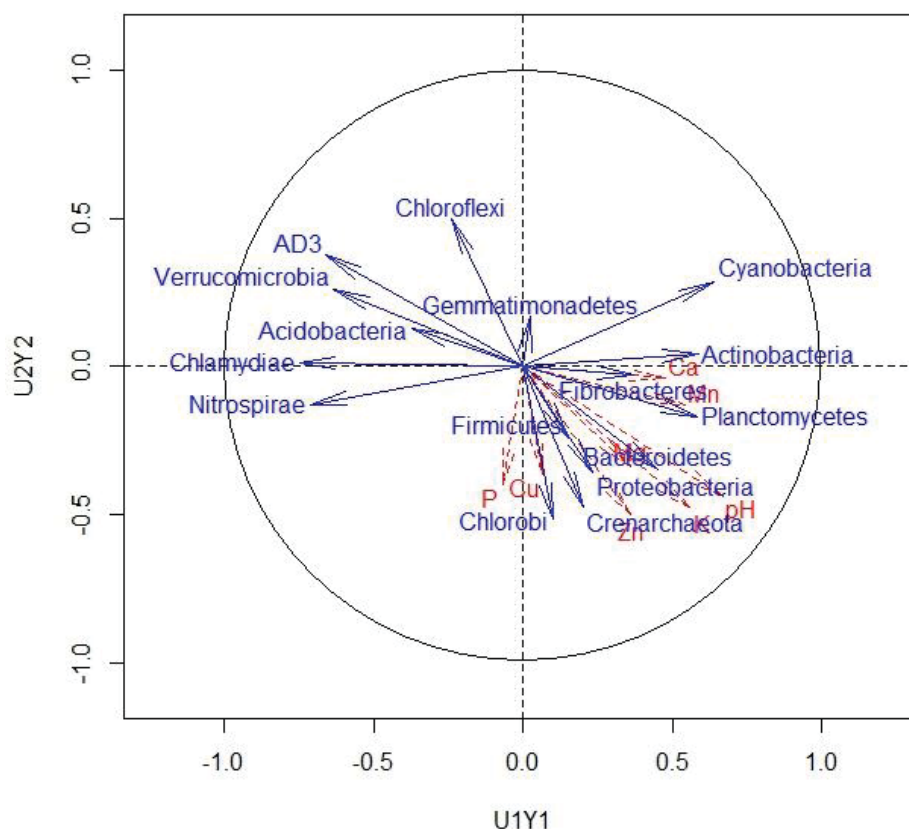
A utilização de DLB aumentou os teores de P, SB, Cu^{2+} e Zn^{2+} , os quais tiveram correlação negativa com Armatimonadetes, Gemmatimonadetes e Chloflexi, o que revela a diminuição da abundância relativa destes filo em relação ao tratamento controle. Com objetivo de analisar a diversidade e a distribuição de bactérias em solos da savana do Cerrado e em dois sítios da Mata Atlântica, Catão et al. (2014) observaram que os teores de C, P, Ca^{2+} , pH e teores de argila influenciaram a diversidade de Acidobacteria. No presente trabalho, este filo foi correlacionado negativamente com Ca^{2+} e pH.

O filo de bactéria Armatimonadetes foi descrito recentemente e pouco se sabe sobre a sua fisiologia e as funções que desempenham no solo (LEE et al., 2014). A partir dos resultados desse estudo, é possível inferir que organismos desse filo também podem ser encontrados em áreas agrícolas sob cultivo de aveia preta e que têm correlação fortemente negativa com P, Cu^{2+} e Zn^{2+} .

Para entender as relações entre os atributos químicos e a distribuição dos filos da comunidade microbiana na época da Primavera, foi realizada correlação canônica (Figura 7). Dos pares canônicos extraídos entre estes atributos do solo, apenas o primeiro par (U1V1) foi significativo ($p \leq 0,0001$), com uma correlação canônica de 0,99, considerada alta.

Dentre os atributos químicos analisados, o pH do solo foi o que mais influenciou os demais atributos com carga canônica de 0,66 (dados não mostrados). Os demais atributos tiveram cargas de 0,47 (Ca^{2+}), 0,35 (Mg^{2+}), 0,55 (K^+), 0,07 (Cu^{2+}), 0,54 (Mn), 0,37 (Zn^{2+}) e -0,06 (P). Os sinais positivos do pH, SB, Cu^{2+} , Mn indicam que estes atributos tiveram alto potencial para discriminação dos dados ao contrário do P, que apresentou pouca influência sobre os dados.

FIGURA 7. ANÁLISE DE CORRELAÇÃO CANÔNICA (ACC) ENTRE OS ATRIBUTOS QUÍMICOS E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM SISTEMA PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO ($m^3 ha^{-1} ano^{-1}$) A LONGO PRAZO AVALIADO NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.



FONTE: O autor (2020).

Aumento e diminuição da abundância relativa de filos de arquea e de bactérias foi observado com a utilização de doses de DLB ao longo do tempo (Figura 3 e 4). Ao analisar a correlação canônica, é possível verificar correlação positiva entre o Zn^{2+} , K^+ , Cu^{2+} e P com a arquea Crenarchaeota (0,66, 0,60, 0,58 e 0,57, respectivamente), Cu^{2+} , Mn, Mg^+ e P com o filo Firmicutes (0,68, 0,63, 0,61 e 0,60, respectivamente), pH com o filo Proteobacteria (0,60) e pH e Zn^{2+} com o filo Bacteroidetes. Os atributos químicos do solo como pH, K^+ , Mn e Zn^{2+} correlacionaram negativamente com o filo AD3 (-0,79, -0,74, -0,69, -0,68, respectivamente), pH, Mn e K^+ com o filo Verrucomicrobia (-0,78, -0,69, -0,65, respectivamente), Zn^{2+} , P com o filo Chloroflexi (-0,75 e -0,60

respectivamente), Zn^{2+} e P com o filo Actinobacteria (-0,01 e -0,03, respectivamente), e P e Cu^{2+} com o filo Gemmatimonadetes. Estes resultados confirmam a influência dos atributos químicos sobre a estrutura da comunidade microbiana.

Ficou evidente a influência do pH do solo sobre a comunidade microbiana. O pH limita a disponibilidade de nutrientes existentes no solo para a planta e está fortemente correlacionado com a comunidade microbiana em uma ampla gama de condições biogeoquímicas (THOMPSON et al., 2017), uma vez que pode afetar a termodinâmica e a cinética da respiração microbiana, que ajudam a moldar a composição e a função das comunidades da microbiota (CHO; KIM; E LEE. 2016). A respiração microbiana catalisa reações redox, a fim de sintetizar ATPs (JIN & KIRK 2018), e muitas dessas reações variam de acordo com pH (BETHKE et al., 2011). Nesse sentido, a faixa do pH imposta pela utilização do dejetos tem o potencial de favorecer ou inibir o desenvolvimento microbiano que, por sua vez, pode moldar a composição da comunidade microbiana. Existe um ponto ótimo de pH para cada espécie da comunidade microbiana, e, à medida que a utilização do DLB altera esse ponto, o crescimento da mesma será superado por espécies mais adaptadas às aquelas condições de pH (FERNÁNDEZ-CALVIÑO & BÄÄTH, 2010).

Observou-se influência dos metais com Zn, Cu, Mn sobre abundância relativa dos filos da comunidade microbiana. Os microrganismos são os primeiros que sofrem quaisquer efeitos diretos ou indiretos de metais pesados no solo (LENART & WOLNY-KOŁADKA, 2013). Foi observado diminuição abundância relativa e correlação canônica negativa de alguns filos de bactérias em função do teor dos metais, neste sentido, analisar a comunidade microbiana pode elucidar mudanças que ocorrem em áreas de influência antrópica. Por outro lado, alguns dos metais pesados são requeridos pelos organismos como nutrientes e são essenciais para o desenvolvimento dos mesmos (BRUINS et al., 2000). Este fato explica o aumento de abundância relativa e de correlação canônica positiva de filos de arquea e bactérias como Crenarchaeota, Firmicutes e Bacteroidetes com os elementos Zn^{2+} , Cu^{2+} e Mn.

Neste sentido, aplicações sucessivas de DLB por 14 anos influenciaram os atributos químicos do solo com os principais efeitos no pH, P, K^+ , Zn^{2+} , Cu^{2+} , que modificaram a estrutura e a funcionalidade da comunidade microbiana do

solo. Portanto, houve relação entre DLB e os atributos químicos e microbiológicos com a estrutura da comunidade microbiana, reforçando a ideia de que a adição de DLB ao longo do tempo altera a química do solo, a distribuição dos filos da comunidade microbiana e, conseqüentemente, a atividade destes organismos no solo.

4 CONCLUSÃO

A utilização de dejetos líquidos bovinos em sistemas de rotação de culturas em plantio direto por 14 anos até a dose de $180 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ alterou positivamente a atividade e a funcionalidade da comunidade microbiana do solo analisada pelos indicadores carbono e nitrogênio da biomassa microbiana e respiração basal que serviu de fonte de energia para a microbiota, permitindo que cumpram funções no ecossistema, a exemplo da ciclagem de nutrientes e estabilidade de agregados do solo.

Aumento dos indicadores de fertilidade do solo à medida que utilizou-se doses crescentes de dejetos líquidos bovinos influenciou a distribuição dos indivíduos dentro dos filos da comunidade microbiana, favorecendo os indivíduos dos filos que crescem rapidamente em meios ricos em nutrientes, basta ver arquea Crenarchaeota e bactérias Bacteroidetes, Proteobacteria e Firmicutes. No entanto, os filos que sofreram alterações negativas como Gemmatimonadetes, Verrucomicrobia, Chlorflexi, Actinobactérias e AD3, apresentam gêneros que desempenham funções semelhantes. Neste sentido, é provável que esteja ocorrendo o fenômeno de redundância funcional, ou seja, mesmo com a alteração da estrutura, a comunidade microbiana continua desempenhando as mesmas funções. Porém, essa alteração foi identificada na coleta da época da Primavera, em que a cultura do trigo se encontrava em final de ciclo. Na época do Outono, não foi identificada alteração, em nível de filo, na estrutura do microbioma do solo sem adição de dejetos líquidos bovinos em relação ao solo que recebeu diferentes doses do mesmo. Infere-se que o cultivo da soja nos meses antecedentes à coleta de Outono tenha imposto condições que homogeneizaram a comunidade microbiana, assim como foi relatado em outros estudos.

Cabe ainda ressaltar, que o conjunto de indicadores químicos do solo devem ser considerados na tomada de decisão de aplicações sucessivas de doses elevadas de dejetos líquidos bovinos nas áreas agrícolas, pois os teores de fósforo no solo foram muito altos e tem potencial de causar contaminação ambiental pela perda desse elemento por escoamento superficial, como foi constatado em outros trabalhos nessa mesma área de estudo.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A utilização de dejetos líquidos bovinos teve correlação negativa com alguns filos que desempenham funções importantes no solo e outros cujas funções no solo não são bem conhecidas, a exemplo de bactéria AD3.

Destaca-se o aumento de filos como Proteobacteria, Bacteroidetes e Firmicutes com a utilização de dejetos líquidos bovinos. Indivíduos desses filos incluem gêneros patogênicos que podem causar problemas nas culturas de interesse.

Na próxima etapa desse trabalho, será analisada a relação do uso de dejetos líquidos bovinos com a estrutura dos gêneros de bactérias a fim de verificar essa possibilidade de prejuízo por patógenos.

REFERÊNCIAS

- ABBOUD, F. Y.; FAVARETTO, N.; MOTTA, A. C. V.; BARTH, G., & GOULARTE, G. D. Phosphorus mobility and degree of saturation in oxisol under no-tillage after long-term dairy liquid manure application. **Soil and Tillage Research**, 177, 45–53, 2018. doi:10.1016/j.still.2017.11.014.
- ABHAUER, K. P., WEMHEUER, B., DANIEL, R. & MEINICKE, P. Tax4Fun: predicting functional profiles from metagenomic 16S rRNA data. **Bioinforma.** 31, 2882–2884, 2015.
- ALVES, G. S.; SANTOS D.; SILVA, J. A.; NASCIMENTO, J. A. M.; CAVALCANTE, L. F.; DANTAS, T. A. G. Estado nutricional do pimentão cultivado em solo tratado com diferentes tipos de biofertilizantes. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.31, p.661-665, 2009.
- ALVES, M.V.; SANTOS, J.C.P.; GOIS, D.T.; ALBERTON, J.V.; BARETTA, D. Macrofauna do solo influenciada pelo uso de fertilizantes químicos e dejetos de suínos no oeste do estado de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.32, p.589-598, 2008.
- ALVES, S. B.; MEDEIROS, M. B.; TAMAI, M. A.; LOPES, R. B. Trofobiose e microrganismos na proteção de plantas: Biofertilizantes e entomopatógenos na citricultura orgânica. **Biociência**, n.21, p.16-21, 2001.
- ALVES, T. D. S.; CAMPOS, L. L.; ELIAS NETO, N.; MATSUOKA, M.; LOUREIRO, M. F. Biomassa e atividade microbiana de solo sob vegetação nativa e diferentes sistemas de manejos. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 2, 2011.
- ANANDAN, R.; DHARUMADURAI, D.; & MANOGARAM, G. P. **An Introduction to Actinobacteria**. Actinobacteria - Basics and Biotechnological Applications, 2016. doi:10.5772/62329.
- ANDERSON J. P. E.; DOMSCH K.H. A physiological method for the quantitative measurement of microbial biomass in soils. **Soil Biology & Biochemistry**, 1978.
- ANDERSON, J. P. E. Soil respiration. In: PAGE AL, MILLER RH, KEENEY DR (Ed.). Methods of soil analysis. Ed. Madison: American Society of Agronomy: **Soil Science Society of Agronomy**, p. 831-872, 1982.
- ANDERSON, J. P. E.; DOMSCH, K. H. The metabolic quotient of CO₂ (q CO₂) as a specific activity parameter to assess the effects of environmental condition, such as pH, on the microbial of forest soil. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 25, n. 3, p. 393-395, 1993.

ANDRIOLI, I; BEUTLER, A.N; CENTURION, J.F. Produção de milho em plantio direto com adubação nitrogenada e cobertura do solo na pré-safra. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, vol.32.4, 2008.

APHA - American Public Health Association. **Standard methods for the examination of water and wastewater**. 19 ed. Washington: American Public Health Association, 1995.

ARAUJO, A.S.F.; LEITE, L.F.C.; IWATA, B.D.F.; DE FREITAS IWATA, B.; DE ANDRADE LIRA, M.; XAVIER, G.R. Microbiological process in agroforestry systems. A review. **Agronomy for Sustainable Development**, 32, 215–226, 2012.

ARAÚJO, J.F.; CASTRO, A. P.; COSTA, M.M.C.; TOGAWA, R.C. et al. Characterization of soil bacterial assemblies in Brazilian savanna-like vegetation reveals Acidobacteria dominance. **Microbial Ecology**, 64 3:760-770, 2012.

ARAÚJO. A.S.F; MONTEIRO, R.T.R. Indicadores biológicos de qualidade do solo. **Bioscience Journal**, v.23. n.3, p.66-75, 2007.

BALOTA, E. L.; MACHINESKI, O.; HAMID, K. I. A.; YADA, I. F. U.; BARBOSA, G. M. C.; NAKATANI, A. S.; & COYNE, M. S. Science of the Total Environment Soil microbial properties after long-term swine slurry application to conventional and no-tillage systems in Brazil. **Science of the Total Environment**, 490,397–404, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2014.05.019>.

BALOTA, E.L.; MACHINESKI, O.; MATOS, M. A. Soil microbial biomass under different tillage and levels of applied pig slurry. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, 16:487-95, 2012.

BARCELLOS, M., MOTTA, A. C. V., PAULETTI, V., CARLOS, J., MODESTO, P., & BARBOSA, J. Z. Atributos químicos de Latossolo sob plantio direto adubado com esterco de bovinos e fertilizantes minerais. **Comunicata Scientiae**, 6(3), 263–273, 2015. <https://doi.org/10.14295/CS.v6i3.527>.

BARETTA, D.; SANTOS, J.C.P.; MAFRA, A.L.; WILDNER, L.P. & MIQUELLUTI, D.J. Fauna edáfica avaliada por armadilhas de catação manual afetada pelo manejo do solo na região oeste catarinense. **Revista Ciência Agroveterinária**, v. 2, n. 1, p. 97-106, 2003.

BARETTA, D.; BROWN, G.G.; JAMES, S.W. & CARDOSO, E.J.B.N. Earthworm populations sampled using collection methods in Atlantic Forests with *Araucaria angustifolia*. **Scientia Agrícola**, v.64, p.384-392, 2007.

BARRETO, A. C.; Lima, F. H. S.; Freire, M. B. G. S.; Freire, F. J. Características químicas e físicas de um solo sob floresta, sistema agroflorestal e pastagem no sul da Bahia. **Caatinga**, 19(4), 415-425, 2006.

BAUHUS, J.; PARÉ, D.; COTÉ, L. Effects of tree species, stand age and soil type on soil microbial biomass and its activity in a southern boreal forest. **Soil Biology & Biochemistry**, v. 30, p. 1077-1089, 1998.

BENITEZ, M.; OSBORNE, S.L.; LEHMAN RM. Previous crop and rotation history effects on maize seedling health and associated rhizosphere microbiome. **Scientific Reports**. Springer US, 1–13, 2017.

BERGMANN, G. T.; BATES, S. T.; EILERS, K. G.; LAUBER, C. L.; CAPORASO, J. G.; ET AL. The under-recognized dominance of Verrucomicrobia in soil bacterial communities. **Soil Biology and Biochemistry**, 43(7), 1450–1455, 2011. doi:10.1016/j.soilbio.2011.03.012.

BETHKE, C. M.; SANFORD, R. A.; KIRK, M. F.; JIN, Q.; AND FLYNN, T. M. The thermodynamic ladder in geomicrobiology. **American Journal of Science**, 311, 183–210, 2011. doi: 10.2475/03.2011.01.

BOGINO, P.C.; NIEVAS, F.L.; GIORDANO, W. A review: Quorum sensing in Bradyrhizobium. **Applied Soil Ecology**, 94:49–58, 2015.

BORGO, J. D. H. **Aplicações sucessivas de dejetos líquidos de bovinos leiteiros em solos sob plantio direto: Fertilidade do solo, produtividade e absorção de nutrientes em milho**. Dissertação (Mestrado em Ciência do solo) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 82 p. 2011.

BORGO, J. D. H.; PAULETTI, V.; MOTTA, A. C. V.; FAVARETTO, N.; BARTH, G.; & PONTONI, D. R. Micronutrientes no solo e no milho em plantio direto com aplicações de dejetos líquidos de bovinos. **Revista De Ciências Agrárias**, v. 56, n. 3, p. 242-248, 2013. <http://dx.doi.org/10.4322/rca.2013.035>.

BRADFORD, M. M. A rapid and sensitive method for the quantification of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. **Analytical Biochemistry**, New York, v. 72, n. 1-2, p. 248-254, 1976.

BROOKES, P.C.; LANDMAN, A.; PRUDEN, G.; JENKINSON D.S. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: A rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil. **Soil Biology & Biochemistry**, v.17, p.837–842, 1985.

BRUTO, M.; PRIGENT-COMBARET, C.; MULLER, D.; & MOËNNE-LOCCOZ, Y. Analysis of genes contributing to plant-beneficial functions in plant growth-promoting rhizobacteria and related Proteobacteria. **Scientific Reports**, 4(1), 2014. doi:10.1038/srep06261.

BURNS, R. G.; DeForest, J. L.; Marxsen, J.; Sinsabaugh, R. L.; et al. Soil enzymes in a changing environment: current knowledge and future directions. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 58, p. 216-234, 2013.

CAPORASO, J. G.; LAUBER, C. L.; WALTERS, W. A.; BERG-LYONS, D.; et al. Ultra-high-throughput microbial community analysis on the Illumina HiSeq and MiSeq platforms.. **Nature Publishing Group**, v.6, p.1621–1624, 2012.

CAPORASO, J.G.; KUCZYNSKI J, STOMBAUGH, J.; BITTINGER, K.; et al. Correspondence QIIME allows analysis of high- throughput community sequencing data Intensity normalization improves color calling in SOLiD sequencing. **Nature Publishing Group**, v.7, p.335–336, 2010.

CATÃO, E. C. P.; LOPES, F. A. C.; ARAÚJO, J. F.; et al. Soil Acidobacterial 16S rRNA Gene Sequences Reveal Subgroup Level Differences between Savanna-Like Cerrado and Atlantic Forest Brazilian Biomes. **International Journal of Microbiology**, 1–12, 2014. doi:10.1155/2014/156341

CAVIGLIONE, J. H.; KIIHL, L. R. B.; CARAMORI, P. H. & OLIVEIRA, D. **Cartas climáticas do Paraná**. Londrina, IAPAR. CD-ROM, 2000.

CERETTA, C. A.; LORENSINI, F.; BRUNETTO, G.; GIROTTO, E.; & GATIBONI, L. C. Frações de fósforo no solo após sucessivas aplicações de dejetos de suínos em plantio direto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** [online]. vol.45, n.6, p.593-602, 2010. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2010000600009>.

CHANTIGNY, M. H.; ROCHETTE, P.; ANGERS, D. A.; MASSÉ, D.; & CÔTÉ, D. Ammonia Volatilization and Selected Soil Characteristics Following Application of Anaerobically Digested Pig Slurry. **Soil Science Society of America Journal**, 68(1), 306, 2004. doi:10.2136/sssaj2004.3060.

CHEN, Y.; XIN, L.; LIU, J.; YUAN, M.; LIU, S.; JIANG, W.; & CHEN, J. Changes in bacterial community of soil induced by long-term straw returning. **Scientia Agricola**, 74(5), 349–356, 2017. doi:10.1590/1678-992x-2016-0025.

CHERUBIN, M. R.; EITELWEIN, M. T.; FABBRIS, C.; WEIRICH, S. W.; SILVA, R. F.; SILVA, V.R.; BASSO, C.J. Qualidade física, química e biológica de um Latossolocom diferentes manejos e fertilizantes. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 39, p. 615-625, 2015.

CHO, S.; KIM, M.; & LEE, Y. Effect of pH on soil bacterial diversity. **Journal of Ecology and Environment**, 40, 10, 2016. <https://doi.org/10.1186/s41610-016-0004-1>.

CHODAK, M.; GOŁĘBIEWSKI, M.; MORAWSKA-PŁOSKONKA, J. et al. Soil chemical properties affect the reaction of forest soil bacteria to drought and rewetting stress. **Annals Microbiology**, 65, 1627–1637, 2015. <https://doi.org/10.1007/s13213-014-1002-0>.

COUTO, R. R; LAZZARI, C. J. R.; TRAPP, T.; et al. Accumulation and distribution of copper and zinc in soils following the application of pig slurry for three to thirty years in a microwatershed of southern Brazil. **Archives of Agronomy and Soil Science**, 62(5), 593–616, 2015. doi:10.1080/03650340.2015.1074183.

DAIMS, H.; NIELSEN, J. L.; NIELSEN, P. H.; SCHLEIFER, K. H.; WAGNER, M. In situ characterization of Nitrospira-like nitrite oxidizing bacteria active in wastewater treatment plants. **Applied and Environmental Microbiology**, 67, 5273–5284, 2001.

DORNELLES, H. S.; MATSUOKA, M.; BINELO, L. A.; PAUVELS, L. A.; CARON, C. M.; SILVA, V. R. Biomassa e atividade microbiana de solos com aplicação de resíduo sólido urbano e dejetos líquidos de suínos. **Revista Brasileira de Ciências Ambientais**. n.44. 18-26, 2017.

DUNBAR, J.; BARNS, S. M.; TICKNOR, L. O.; C. KUSKE, C. R. Empirical and theoretical bacterial diversity in four Arizona soils. **Applied and Environmental Microbiology**, 68:3035–3045, 2002.

EILERS, K. G.; LAUBER, C. L.; KNIGHT, R.; & FIERER, N. Shifts in bacterial community structure associated with inputs of low molecular weight carbon compounds to soil. **Soil Biology and Biochemistry**, 42(6), 896–903, 2010a. doi:10.1016/j.soilbio.2010.02.003.

EILERS, K.G.; DEBENPORT, S.; ANDERSON, S.; FIERER, N. Digging deeper to find unique microbial communities: The strong effect of depth on the structure of bacterial and archaeal communities **Soil Biology and Biochemistry**, 50, 58–65, 2012b.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. Manual de métodos de análise de solo. 2. ed. rev. Rio de Janeiro, 2011, 230 p.

EMBRAPA – Fundação ABC. **Mapa do levantamento semidetalhado de solos: Município de Castro**. Elaborado por FASOLO, P. J.; CARVALHO, A. P.; BOGNOLA, I. A. & POTER, R. O. EMBRAPA/Fundação ABC, 2001.

EPELDE, L.; BURGESS, A.; MIJANGOS, I.; GARBISU, C. Microbial properties and attributes of ecological relevance for soil quality monitoring during a chemical stabilization field study. **Applied Soil Ecology**, v. 75, p.1-12, 2014.

ESPÍNDOLA, J. A. A.; ALMEIDA, D. L. de; GUERRA, J. G. M.; SILVA, E. M. R. da. Flutuação sazonal da biomassa microbiana e teores de nitrato e amônio de solo coberto com *Paspalum notatum* em um agroecossistema. **Floresta e Ambiente**, Rio de Janeiro, v. 8, n. 1, p. 104- 113, 2001.

FANIN, N.; HÄTTENSCHWILER, S.; SCHIMANN, H.; & FROMIN, N. Interactive effects of C, N and P fertilization on soil microbial community structure and function in an Amazonian rain forest. **Functional Ecology**, 29(1), 140–150, 2014. doi:10.1111/1365-2435.12329.

FEIJE, F.; & ANGER V. Spot test in inorganic analysis. **Analytical chemistry Acta**, v.149, p.363–367, 1972.

FENG, H.; GUO, J.; WANG, W.; SONG, X.; YU, S. Soil Depth Determines the Composition and Diversity of Bacterial and Archaeal Communities in a Poplar Plantation. **Forests**, 10, 550, 2019. doi:10.3390/f10070550.

FERNÁNDEZ-CALVIÑO, D.; & BÅÅTH, E. Growth response of the bacterial community to pH in soils differing in pH. **Microbiology Ecology**. 73:149–156, 2010.

FIORE, M.F.; NEILAN, B.A.; COPP, J.N.; RODRIGUES, J.L.M.; TSAI, S.M.; LEE, H.; & TREVORS, J.T. Characterization of nitrogenfixing cyanobacteria in the Brazilian Amazon floodplain. **Water Research**, 39:5017-5026, 2005. PMID: 16289234. <http://dx.doi.org/10.1016/j.watres.2005.10.002>.

FRANCHINI, J. C.; CRISPINO, C. C.; SOUZA, R. A.; TORRES, E. HUNGRIA M. Microbiological parameters as indicators of soil quality under various soil management and crop rotation systems in southern Brazil. **Soil Tillage Researche**, v.92, p.18–29, 2007.

FRÖSTL, J. M.; & OVERMANN, J. Phylogenetic affiliation of the bacteria that constitute phototrophic consortia. **Archives of Microbiology**, 174(1-2), 50–58, 2000. doi:10.1007/s002030000172.

GAMA-RODRIGUES, E.F. **Biomassa microbiana e ciclagem de nutrientes**. In: SANTOS, G.A. & CAMARGO, F.A.O., eds. Fundamentos da matéria orgânica do solo: Ecossistemas tropicais e subtropicais. Porto Alegre, Gênese, p.227-243, 1999.

GAO, P.; ZHENG, X.; WANG, L.; LIU, B.; & AND ZHANG, S. "Changes in the Soil Bacterial Community in a Chronosequence of Temperate Walnut-Based Intercropping Systems" **Forests**, 10, no. 4, 2019. doi: 10.3390/f10040299.

GIROTTO, E.; CERETTA, C. A.; BRUNETTO, G.; SANTOS, D. R.; SILVA, L. S.; LOURENZI, C. R.; LORENSINI, F.; VIEIRA, R. C. B.; & SCHMATZ, R. Acúmulo e formas de cobre e zinco no solo após aplicações sucessivas de dejetos líquidos de suínos. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 34, p.955-965, 2010.

GRAHAM, M.H.; HAYNES, R.J.; MEYER, J.H. Soil organic matter content and quality: effects of fertilizer applications, burning and trash retention on a long-term sugarcane experiment in South Africa. **Soil Biology and Biochemistry**, v.34, p.93-102, 2002.

GU, Y.; BAI, Y.; XIANG, Q.; et al. Degradation shaped bacterial and archaeal communities with predictable taxa and their association patterns in Zoige wetland at Tibet plateau. **Scientific Reports** 8, 3884, 2018. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-21874-0>.

GUARDINI, R.; COMIN, J.J.; SCHMITT, D.E.; TIECHER, T.L.; et al. Accumulation of phosphorus fractions in typical Hapludalf soil after long-term application of pig slurry and deep pig litter in a no-tillage system. **Nutrient Cycling in Agroecosystems**, 93:215-25, 2012.

HEINZMANN, F. X.; MIYAZAWA, M.; PAVAN, M.A. Determinação de nitrato em extratos de solos ácidos por espectrofotometria de absorção ultravioleta. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.8, p.159-163, 1984.

HOBBIE, J. E., & HOBBIE, E. A. Microbes in nature are limited by carbon and energy: the starving-survival lifestyle in soil and consequences for estimating microbial rates. **Frontiers in Microbiology**, 4, 2013. doi:10.3389/fmicb.2013.00324.

HUGENHOLTZ, P. & STACKEBRANDT, E. Reclassification of *Sphaerobacter thermophilus* from the subclass Sphaerobacteridae in the phylum Actinobacteria to the class Thermomicrobia (emended description) in the phylum Chloroflexi (emended description). **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 54, 2049-2051, 2004.

HUR, M.; KIM, Y.; SONG, H-R.; KIM, J.M.; CHOI, Y.I.; YI, H. Effect of genetically modified poplars on soil microbial communities during the phytoremediation of waste mine tailings. **Applied and Environmental Microbiology**, 77 [21]:7611–7619, 2011.

JESUS, R.B. de; OMORI, W. P.; LEMOS, E. G.M. & SOUZA, J. A. M.de. Diversidade bacteriana em rúmen bovino por análise de sequências do 16S rDNA metagenômico e microscopia eletrônica de varredura. **Acta Scientiarum. Animal Sciences** [online], vol.37, n.3, pp.251-257, 2015. <http://dx.doi.org/10.4025/actascianimsci.v37i3.26535>.

JIN, Q., & KIRK, M. F. pH as a Primary Control in Environmental Microbiology: 1. Thermodynamic Perspective. **Frontiers in Environmental Science**, 6., 2018. doi:10.3389/fenvs.2018.00021

JULLIAND, V.; DE VAUX, A.; MILLET, L & FONTY, G. Identification of *Ruminococcus flavefaciens* the predominant cellulolytic bacterial species of the equine cecum. **Applied and Environmental Microbiology**, 65: 3738–3741, 1999.

KANDLER, E. & GERBER, H. Short-term assay of soil urease activity using colorimetric determination of ammonium. **Biology and Fertility of Soils**, v.6, p.68 – 72, 1988.

KENNEDY, A. C. Bacterial diversity in agroecosystems. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 74, n. 1, p. 65-76, 1999.

KERSTERS, Karel et al. Introduction to the Proteobacteria. In: The prokaryotes. **Springer New York**. p. 3-37, 2006.

KIEHL, E. J. Fertilizantes orgânicos. Piracicaba: Ed. Agronômica Ceres, 492p, 1985.

KIRCHMAN, D. L. The ecology of Cytophaga Flavobacteria in aquatic environments. **Microbiology Ecology**, v. 39, p. 91–100, 2002.

KLUEPFEL, D.A. The behavior and tracking of bacteria in the rhizosphere. **Annual Review of Phytopathology**, 31:441-472, 1993.

KUMARI P, C. H. L. & SUDIARTO, S. A. I. Assessment of Bacterial Community Assembly Patterns and Processes in Pig Manure Slurry. **Plos One**, v. 10, n. 9, p. e0139437, 2015.

KUNZ, A.; ENCARNAÇÃO, R. **Tratamento de dejetos animais**. In: GEBLER, L.; PALHARES, J.C.P. (Ed.). *Gestão Ambiental na Agropecuária*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p.169-191, 2007.

LARKIN, R. P.; HONEYCUTT, C. W., & GRIFFIN, T. S. Effect of swine and dairy manure amendments on microbial communities in three soils as influenced by environmental conditions. **Biology and Fertility of Soils** 43. 51–61, 2006. <https://doi.org/10.1007/s00374-005-0060-7>.

LECLERCQ, S. O.; WANG, C.; SUI, Z.; WU, H.; et al. A multiplayer game: species of Clostridium, Acinetobacter, and Pseudomonas are responsible for the persistence of antibiotic resistance genes in manure- treated soils. **Environmental Microbiology**, 18, 3494–3508, 2016. doi: 10.1111/1462-2920.13337.

LEE, K. C. Y.; DUNFIELD, P. F., & STOTT, M. B. The Phylum Armatimonadetes. **The Prokaryotes**, 447–458, 2014. doi:10.1007/978-3-642-38954-2_388.

LEITE, J. N. F., CRUZ, M. C. P. DA, FERREIRA, M. E., ANDRIOLI, I., & BRAOS, L. B. Frações orgânicas e inorgânicas do fósforo no solo influenciadas por plantas de cobertura e adubação nitrogenada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 51(11), 1880–1889, 2016. doi:10.1590/s0100-204x2016001100010 .

LENART A., WOLNY-KOŁADKA K. The effect of heavy metal concentration and soil pH on the abundance of selected microbial groups within ArcelorMittal Poland steelworks in Cracow. **Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology**, 90 (1), 85, 2013.

LI, Y.; MA, S.; ZHANG, X.; HUANG, S.; YANG, H., et al. Evaluation of bacterial and archaeal diversity in the rumen of Xiangxi yellow cattle (*Bos taurus*) fed *Miscanthus sinensis* or common mixed feedstuff. **Annals of Microbiology**, 64(3), 1385-1394, 2014.

LIU, Y., & WHITMAN, W. B. Metabolic, Phylogenetic, and Ecological Diversity of the Methanogenic Archaea. **Annals of the New York Academy of Sciences**, 1125(1), 171–189, 2008. doi:10.1196/annals.1419.019.

LOURENZI, C. R.; SCHERER, E. E.; CERETTA, C. A. et al. Atributos químicos de Latossolo após sucessivas aplicações de composto orgânico de dejetos líquidos

de suínos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 51(3), 233–242, 2016). doi:10.1590/s0100-204x2016000300005.

MADIGAN, M. T.; MARTINKO, J. M.; DUNLAP, P. V.; CLARK, D.P. **Microbiologia de Brock**. Traduzido de Brock Biology of Microorganisms. 12^a ed. Porto Alegre: Artmed, 2010.

MADIGAN, M. T; MARTINKO, J. M; BENDER, K. S; BUCKLEY, D. H; STAHL, D. A. **Microbiologia de Brock**. 12 ed., Porto Alegre: Artmed, 2016. 1006 p.

MANHAES, C. M. C.; FRANCELINO, F. M. A. Biota do solo e suas relações ecológicas com o sistema radicular. **Nucleus**, v.10, n.2, 2013.

MANSFIELD, J.; GENIN, S.; MAGORI, S.; CITOVSKY, V.; SRIARIYANUM et al. Top 10 plant pathogenic bacteria in molecular plant pathology. **Molecular Plant Pathology**, 13(6), 614–629, 2012. doi:10.1111/j.1364-3703.2012.00804.x.

MATSUOKA, M.; MENDES, I. C.; LOUREIRO, M. F. Biomassa microbiana e atividade enzimática em solos sob vegetação nativa e sistemas agrícolas anuais e perenes na região de Primavera do Leste (MT). **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 27, n. 3, p. 425-433, 2003.

MEDEIROS, D. C. DE; LIMA, B. A. B. DE; BARBOSA, M. R.; ANJOS, R. S. B. DOS; BORGES, R. D.; CAVALCANTE NETO, J. G.; MARQUES, L. F. Produção de mudas de alface com biofertilizantes e substratos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v.25, p.433-436, 2007.

MENDES, L.W.; KURAMAE, E.E.; NAVARRETE, A.A.; VAN VEEN, J.A.; TSAI, S.M. Taxonomical and functional microbial community selection in soybean rhizosphere. **International Society for Microbial Ecology**, 8:1577–1587, 2014.

MOREIRA, F. M. S. & SIQUEIRA, J. O. **Microbiologia e Bioquímica do Solo**. Lavras: Editora da UFLA, 2006.

MORI, H. F.; FAVARETTO, N.; PAULETTI, V.; DIECKOW, J. & SANTOS, W.L. Perda de água, solo e fósforo com aplicação de dejetos líquidos bovinos em Latossolo sob plantio direto e com chuva simulada. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.33, p.189-198, 2009.

MÜLLER, D. H.; CAMILI, E. C.; GUIMARÃES, S. C.; CAMPO, D. T. S.; MARTINS, M. E.; BARROS, K. C. Biomassa e atividade microbiana de solo sob aplicação de resíduos orgânicos. **Revista Internacional de Ciências**, v.4, n.2, 2014.

NAVARRETE, A.A; SOARES, T.; ROSSETTO, R.; VAN VEEN, J.A.; TSAI, S.M.; KURAMAE, E.E. Verrucomicrobial community structure and abundance as indicators for changes in chemical factors linked to soil fertility. **Antonie van Leeuwenhoek**, 108:741–752, 2015. doi: 10.1007/s10482-015-0530-3.

NICHOLS K. A. & WRIGHT, S. F. Comparison of glomalin and humic acid in eight native US soils. **Soil Science**, v. 170, p.985–997, 2005.

NORMAN, R. I.; STUCKI, J. W. The determination of nitrate and nitrite in soil extracts by ultraviolet spectrophotometry. **Soil Science Society of America**, v.45, p.347-53, 1981.

OKSANEN, J.; BLANCHET, F.G.; FRIENDLY, M. et al. **VEGAN: Community Ecology Package**. R package version 2.4-4, 2017. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>.

OLIVEIRA, J. R, A. C.; SILVA, C. A.; CURI, N.; LIMA, J. M.; & RANGEL, O. J. P. Formas e quantidades de carbono em lixiviados de latossolos vermelhos sob influência de calcário e fósforo. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.32, p.1261-1271, 2008.

OLIVEIRA, A. P.; ARAÚJO, J. S.; ALVES, E. U.; NORONHA, M. A. S.; CASSIMIRO, C. M.; MENDONÇA, F. G. Rendimento de feijão-caupi cultivado com esterco bovino e adubo mineral. **Horticultura Brasileira**, v. 19, n. 1, 2001.

OLIVEIRA, J. G. R.; FILHO, J. T.; BARBOSA, G. M. C. Alterações na física do solo com a aplicação de dejetos animais. **Geographia Opportuno Tempore**, Londrina, v. 2, n. 2, Edição Especial, p. 66-80, 2016.

OROS-SICHLER, M.; GOMES, N. C. M.; NEUBER, G.; SMALLA, K. A new semi-nested PCR protocol to amplify large 18S rRNA gene fragments for PCRDGGE analysis of soil fungal communities. **Journal of Microbiological Methods**, v. 65, n. 1, p. 63-75, Apr. 2006.

ORR, C.; JAMES, A.; LEIFERT, C.; COOPER, J. M.; CUMMINGS, S. P. Diversity and activity of freeliving nitrogen-fixing bacteria and total bacteria in organic and conventionally managed soils. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 77, p. 911–919, 2011.

PANDEY, P.; CHIU, C.; MIAO, M.; WANG, Y.; SETTLES, M., et al. 16S rRNA analysis of diversity of manure microbial community in dairy farm environment. **PLOS ONE**, 13(1), 2018. doi:10.1371/journal.pone.0190126.

PANDOLFO, C. M.; CERETTA, C. A.; MASSIGNAM, M. A.; VEIGA, M. da; MOREIRA, I. L. Análise ambiental do uso de fontes de nutrientes associadas a sistemas de manejo do solo. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 12, n. 5, 2008.

PARKIN, T.B.; DORAN, J.W. & FRANCO-VIZCAINO, E. **Field and laboratory tests of soil respiration**. In: DORAN, J.W. & JONES, A., eds. Method for assessing soil quality. Madison, Soil Science Society of America, p.231-245, 1996.

PASCAULT, N.; RANJARD, L.; KAISERMANN, A. et al. Stimulation of different functional groups of bacteria by various plant residues as a driver of soil priming effect. **Ecosystems**, 16, 810–822, 2013. doi: 10.1007/s10021-013-9650-7.

PATIL, N. M. Biofertilizer effect on growth, protein and carbohydrate content in stevia rebaudiana var bertonii. **Recent Research in Science and Technology**, v.2, p.42-44, 2010.

PEACOCK, A. D., M. D. MULLEN, D. B. RINGELBERG, D. D. TYLER, D. B. et al. Soil microbial community responses to dairy manure or ammonium nitrate applications. *Soil Biology and Biochemistry*, 33:1011Y1019, 2001.

PIANKA, E. R. "On r- and K-Selection." **The American Naturalist**, vol. 104, no. 940, 1970, pp. 592–597. JSTOR, www.jstor.org/stable/2459020.

PIKUTA, E. V. Overview of Archaea. **Instruments, Methods, and Missions for Astrobiology XIV**, Vol. 8152, 2011. doi:10.1117/12.897082.

PINHEIRO, G. L.; SILVA, C. A.; LIMA, J. M.; COSTA, A. L. Ácidos orgânicos de baixa massa molar em solos e materiais orgânicos. **Química Nova**, v. 36, No. 3, p.413-418, 2013.

QIU, Y.L.; KUANG, X. Z.; SHI, X.S.; YUAN, X. Z.; GUO, R. B. *Terrimicrobium sacchariphilum* gen. nov., sp. nov., an anaerobic bacterium of the class "Spartobacteria" in the phylum Verrucomicrobia, isolated from a rice paddy field. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 64:1718–1723, 2014. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.060244-0>. 12.

QUAST, C.; PRUESSE, E.; YILMAZ, P.; GERKEN, J. et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools. **Nucleic Acids Research**, 41:590–596, 2013.

RANSOM-JONES, E.; JONES, D. L.; MCCARTHY, A. J.; MCDONALD, J. E. The Fibrobacteres: An important phylum of cellulose-degrading bacteria. **Microbial ecology**, p. 1-15, 2012.

RASTOGI, R. P.; SONANI, R. R.; MADAMWAR, D. The high-energy radiation protectant extracellular sheath pigment scytonemin and its reduced counterpart in the cyanobacterium *Scytonema* sp. R77DM. **Bioresource Technology**. 171: 396-400, 2014.

RAVERKAR, K.P.; KONDE, B.K. Effect of *Rhizobium* and *Azospirillum lipoferum* inoculation on the nodulation, yield and nitrogen uptake of peanut cultivars. **Plant and Soil**, Dordrecht, v.106, p.294-252, 1988.

RICHART, A.; RECH, M. A.; KAEFER, J. E.; NOZAKI, M. H.; MENON, R. Influência de três sistemas de manejo sobre atributos físicos de um latossolo vermelho eutroférico. **Synergismus scientifica**, 4 (1), 2009.

RIEKE, E. L.; SOUPIR, M. L.; MOORMAN, T. B.; YANG, F., & HOWE, A. C. Temporal Dynamics of Bacterial Communities in Soil and Leachate Water After Swine Manure Application. **Frontiers in Microbiology**, 9, 2018. doi:10.3389/fmicb.2018.03197.

RODRIGUES, A. C.; CAVALCANTE, L. F.; OLIVEIRA, A. P. DE; SOUSA, J. T. DE; MESQUITA, F. O. Produção e nutrição mineral do maracujazeiro-amarelo em solo com biofertilizante supermagro e potássio. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.13, p.117-124, 2009.

RUIZ, U.S.; THOMAZ, M.C.; HANNAS, M.I. et al. Complexo enzimático para suínos: digestão, metabolismo, desempenho e impacto ambiental. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.3, p.458-468, 2008.

RYCKEBOER, J.; MERGAERT, J.; VAES, K.; KLAMMER, S. et al. A survey of bacteria and fungi occurring during composting and self-heating processes. **Annals of Microbiology**, 53: 349–410, 2003.

SÁ, J. C.M. de; TIVET, F.; LAL, R.; BRIEDIS, C.; HARTMAN, D. C.; SANTOS, J. Z.; SANTOS, J.B. Long-term tillage systems impacts on soil C dynamics, soil resilience and agronomic productivity of a Brazilian Oxisol. **Soil and Tillage Research**, v.136, p.38-50, 2014.

SANT'ANNA, C.L., BRANCO, L.H.Z., GAMA JÚNIOR, W.A. & WERNER, V.R. Checklist of Cyanobacteria from São Paulo State, Brazil. **Biota Neotrop.** 11(1a), 2011. <http://www.biotaneotropica.org.br/v11n1a/en/abstract?inventory+bn0171101a2011>

SCHERER, E.E.; NESI, C.N.; MASSOTTI, Z. Atributos químicos do solo influenciados por sucessivas aplicações de dejetos suínos em áreas agrícolas de Santa Catarina. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, 34:1375-83, 2010.

SCHMIDT, R. O.; SANA, R. S.; LEAL, F. K.; ANDREAZZA, R.; CAMARGO, F. A. O.; MEURER, E. J. Biomassa e atividade microbiana do solo em sistemas de produção olerícola orgânica e convencional. **Ciência Rural**, v.43, n.2, 2013.

SHI, Y.; ZIADI, N.; HAMEL, C.; BITTMAN, S. et al. Soil microbial biomass, activity, and community composition as affected by dairy manure slurry applications in grassland production. **Applied Soil Ecology**, 125, 97–107, 2017. doi:10.1016/j.apsoil.2017.12.022.

SHIVLATA, L.; SATYANARAYANA, T. Thermophilic and alkaliphilic Actinobacteria: biology and potential applications. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, p. 1-29, 2015. doi: 10.3389/fmicb.2015.01014.

SILVA, C. F. DA.; PEREIRA, M. G.; MIGUEL, D. L. et al. Carbono orgânico total, biomassa microbiana e atividade enzimática do solo de áreas agrícolas, florestais e pastagem no médio Vale do Paraíba do Sul (RJ). **Revista Brasileira de Ciência Do Solo**, 36(6), 1680–1689, 2012. doi:10.1590/s0100-06832012000600002

SILVA, I. F. & MIELNICZUK, J. Sistemas de cultivo e características do solo afetando a estabilidade de agregados. **Revista Brasileira de Ciência Do Solo**

[online]. vol.22, n.2, pp.311-317, 1998. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-06831998000200017>.

SILVA, J. B. G.; MARTINEZ, M. A.; PIRES, C. S.; ANDRADE, I. P. S.; SILVA, G. T. Avaliação da condutividade elétrica e ph da solução do solo em uma área fertirrigada com água residuária de bovinocultura de leite. **Irriga**, Botucatu, v. 1, n. 01, p. 250, 2012.

SILVA, J. C. P. M. DA.; MOTTA, A. C. V.; PAULETTI, V.; FAVARETTO, N. et al. Esterco líquido de bovinos leiteiros combinado com adubação mineral sobre atributos químicos de um Latossolo Bruno **Revista Brasileira de Ciência Do Solo**, 32(6), 2563–2572, 2008. doi:10.1590/s0100-06832008000600033.

SILVA, J.; SILVA, P.S.L.; OLIVEIRA, M.; SILVA, K.M.B. Efeito de esterco bovino sobre os rendimentos de espigas verdes e de grãos de milho. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 2, p. 326-331, 2004.

SILVA, J.C.P.M.da; MOTTA, A.C.V.; PAULETTI, V. et al. Esterco de gado leiteiro associado à adubação mineral e sua influência na fertilidade de um latossolo sob plantio direto. **Revista Brasileira de Ciência Do Solo**, 34, 2010.

SILVA, R. R.; SILVA, M. L. N.; CARDOSO, E. L.; MOREIRA, F. M. S.; CURTI, N.; ALOVISI, A. M. T. Biomassa e atividade microbiana em solo sob diferentes sistemas de manejo na região fisiográfica campos das Vertentes – MG. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.34, p.1585-1592, 2010.

SILVANO, C. **Atributos biológicos em solos sob plantio direto com aplicação de dejetos líquidos bovinos**. Dissertação (Mestrado em Ciência do solo) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 61 p. 2011.

SMIT, E.; LEEFLANG, P.; GOMMANS, S.; VAN DEN BROEK.; J, VAN MIL. S. & WERNARS, K. Diversity and seasonal fluctuations of the dominant members of the bacterial soil community in a wheat field as determined by cultivation and molecular methods. **Applied and Environmental Microbiology**, 67, 2284–2291, 2001. : 10.1128/AEM.67.5.2284-2291.2001.

SONG, X.; TAO, B.; GUO, J., et al. Changes in the microbial community structure and soil chemical properties of vertisols under different cropping systems in northern China. **Frontiers in Environmental Science**, 6:132, 2018. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2018.00132>

SOUZA, E. D.; COSTA, S. E. V. G. A.; ANGHINONI, I.; CARVALHO, P. C. F.; ANDRIGUETI, M.; CAO, E. Estoques de carbono orgânico e de nitrogênio no solo em sistema de integração lavoura-pecuária em plantio direto, submetido a intensidades de pastejo. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 33, n. 6, p. 1829-1836, 2009.

SOUZA, J. L.; RESENDE, P. **Manual de horticultura orgânica**. Viçosa: Aprenda Fácil, p. 564, 2003.

SPOLAOR, L.T.; GONÇALVES, L.S.A.; SANTOS, O.J.A.P.; OLIVEIRA, A.L.M.de; SCAPIM, C.A.; BERTAGNA, F.A.B.; KUKI, M.C. Plant growth promoting bacteria associated with nitrogen fertilization at topdressing in popcorn agronomic performance. **Bragantia**, v.75, n.1, p.33-40, 2016.

STRAP, J. L. Actinobacteria–Plant Interactions: A Boon to Agriculture. **Bacteria in Agrobiolgy: Plant Growth Responses**, 285–307, 2011. doi:10.1007/978-3-642-20332-9_13 .

SULEIMAN, A. K. A.; GONZATTO, R.; AITA, C.; LUPATINI, M. et al. Temporal variability of soil microbial communities after application of dicyandiamide-treated swine slurry and mineral fertilizers. **Soil Biology and Biochemistry**, 97, 71–82, 2016. doi:10.1016/j.soilbio.2016.03.002.

SUN, J., ZHANG, Q., ZHOU, J., WEI, Q.P. Pyrosequencing technology reveals the impact of different manure doses on the bacterial community in apple rhizosphere soil. *Appl. Soil Ecol.* 78, 28–36, 2014.

TENG, Q.H.; SUN, B.; FU, X.R.; LI, S.P.; CUI, Z.L.; CAO, H. Analysis of nifH gene diversity in red soil amended with manure in Jiangxi south China. **The Journal of Microbiology**, 47: 135-141, 2009.

TESSARO, D.; SAMPAIO, S. C.; ALVES, L. F. A.; DIETER, J.; CORDOVIL, C. S. C. M. S.; VARENNES, A. Edaphic mesofauna (springtails and mites) in soil cultivated with baby corn and treated with swine wastewater combined with chemical fertilization. *International Journal of Food, Agriculture and Environment*, v.9, p.983-987, 2011.

THOMPSON, L. R.; SANDERS, J. G.; MCDONALD, D. et al. A communal catalogue reveals Earth’s multiscale microbial diversity. **Nature**, 551, 457, 2017. doi: 10.1038/nature24621.

TIMOFIECSYK, A; FAVARETTO, N.; PAULETTI, V. & DIECKOW, J. Perdas de carbono e nitrogênio com aplicação de dejetos líquido bovino em Latossolo muito argiloso sob plantio direto e chuva natural. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 36, p.1924-1930, 2012.

VAN HEES, P. A. W.; JONES, D. L.; GODBOLD, D. L. Biodegradation of low molecular weight organic acids in forest soils. **Soil Biology & Biochemistry**, v. 34, p.1261-1272, 2002.

Vance, E.D.; Brookes, P.C.; Jenkinson, D.S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. **Soil Biology & Biochemistry**.19:703–707, 1987.

WALKER, C. B., DE LA TORRE, J. R., KLOTZ, M. G., URAKAWA, H., et al. Nitrosopumilus maritimus genome reveals unique mechanisms for nitrification and autotrophy in globally distributed marine crenarchaea. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 107, 8818–8823, 2010.

WANG, H.; DONG, Y.; YANG, Y.; TOOR, G. S.; ZHANG, X. Changes in heavy metal contents in animal feeds and manures in an intensive animal production region of China. **Journal of Environmental Sciences**, v. 25, p. 2435–2442, 2013.

WANG, P.; MARSH, E. L.; AINSWORTH, E. A.; LEAKEY, A. D. B.; SHEFLIN, A. M. & SCHACHTMAN, D. P. Shifts in microbial communities in soil, rhizosphere and roots of two major crop systems under elevated CO₂ and O₃. **Scientific Reports**, 7(1), 2017. doi:10.1038/s41598-017-14936-2

WATTS, D. B.; TORBERT, H. A.; FENG, Y. & PRIOR, S. A. Soil Microbial Community Dynamics as Influenced by Composted Dairy Manure, Soil Properties, and Landscape Position. **Soil Science**, 175(10), 474–486, 2010. doi:10.1097/ss.0b013e3181f7964f.

WHALEN, J.K.; CHANG, C.; CLAYTON, G.W. & CAREFOOT, J.P. Cattle manure amendments can increase the pH of acid soils. **Soil Science Society of America Journal**, 64:962-966, 2000.

WHITE, T.J.; BRUNS, T.D.; LEE, S.; TAYLOR, J. Analysis of phylogenetic relationships by amplification and direct sequencing of ribosomal RNA genes. In: Innis, M.A.; Gelfand, D.H.; Sninsky, J.J.; White, T.J., eds. PCR protocols: a guide to methods and applications. **Academic Press**, p. 315-322, 1990.

WILL, C.; THURMER, A.; WOLLHERR, A. et al. Horizon-Specific Bacterial Community Composition of German Grassland Soils, as Revealed by Pyrosequencing-Based Analysis of 16S rRNA Genes. **Applied and Environmental Microbiology**, 76(20), 6751–6759, 2010. doi:10.1128/aem.01063-10.

WRIGHT, A.L.; HONS, F.M.; LEMON, R.G.; McFARLAND, M.L. & NICHOLS, R.L. Microbial activity and soil C sequestration for reduced and conventional tillage cotton. **Applied Soil Ecology**, 38:168-173, 2008.

WRIGHT, S. F.; UPADHYAYA, A. A. A survey of soils for aggregate stability and glomalin, a glycoprotein produced by hyphae of arbuscular mycorrhizal fungi. **Plant and Soil**, v. 198, p.97-107, 1998.

WU, D.; HUGENHOLTZ, P.; MAVROMATIS, K. et al. A phylogeny-driven genomic encyclopaedia of Bacteria and Archaea. **Nature**, 462: 1056–1060, 2009. XUE, D.; HUANG, X. The impact of sewage sludge compost on tree peony growth and soil microbiological, and biochemical properties. **Chemosphere**, 93:583-589, 2013.

YANG Y.; ASHWORTH, A.J.; DEBRUYN, J.M. et al. Soil bacterial biodiversity is driven by long-term pasture management, poultry litter, and cattle manure inputs. **PeerJ**. 7.1–20, 2019. <http://doi.org/10.7717/peerj.7839>

YANG, L.; LI, T.; LI, F.; LEMCOFF, J.H.; COHEN, S. Fertilization regulates soil enzymatic activity and fertility dynamics in a cucumber field. **Scientia Horticulturae**, v.116, p.21–26, 2008.

YANG, T.; LIU, G.; ZHU, S.; ZOU, A.; YANG, Y. Rhizosphere microbial communities and organic acids secreted by aluminum-tolerant and aluminum-sensitive soybean soil. **Biology and Fertility of Soils**, v. 48, p. 97-108, 2012.

ZHANG, C.; LIU, G.; XUE, S. & WANG, G. Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau. **Soil Biology and Biochemistry**, V. 97. p. 40-49, 2016. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2016.02.013>

Zhang, H. Gemmatimonas aurantiaca gen. nov., sp. nov., a Gram-negative, aerobic, polyphosphate-accumulating microorganism, the first cultured representative of the new bacterial phylum Gemmatimonadetes phyl. **International journal of systematic and evolutionary microbiology**, 53(4), 1155–1163, 2003. doi:10.1099/ijs.0.02520-0

ZHANG, J.; LI, M.; LI, P.; KANG, W. et al. Effect of pig manure amendments on microbial biomass and functional diversity in three agricultural soils. IOP Conference Series: **Earth and Environmental Science**, 186, 012061, 2018. doi:10.1088/1755-1315/186/3/012061.

ZHANG, L.M.; HU, H. W.; SHEN, J.P.; HE, J. Z. Ammonia-oxidizing archaea have more important role than ammonia-oxidizing bacteria in ammonia oxidation of strongly acidic soils. **ISME J.** 6, 1032e1045, 2012. <http://dx.doi.org/10.1038/ismej.2011.168>.

Zilli, J, E.; Rumjanek, N. G.; Xavier, G. R.; Heitor Luiz da Costa Coutinho, H. L. C.; Neves, M.C.P. Diversidade microbiana como indicador de qualidade do solo. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 20, n. 3, p. 391-411, 2003

APÊNDICES

APÊNDICE 1. ATRIBUTOS QUÍMICOS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0-5 e de 5-10 CM, MÉDIA DE DUAS ÉPOCAS DE AMOSTRAGEM, NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.

Doses	Profundidade	pH	Ca	Mg	K	P	Cu	Mn	Fe	Zn
$\text{m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$	cm	CaCl ₂cmol _c dm ⁻³mg dm ⁻³mg dm ⁻³mg dm ⁻³mg kg ⁻¹mg kg ⁻¹mg kg ⁻¹mg kg ⁻¹
0	0-5	6,25	4,78	2,34	6,61	37,22	0,89	1,16	1,60	2,99
0	5-10	5,50	3,33	1,45	6,41	66,54	1,25	0,74	2,73	2,15
60	0-5	6,45	5,38	2,53	8,16	86,91	3,05	2,04	2,26	4,88
60	5-10	6,11	3,91	2,10	7,46	86,10	2,75	1,05	2,63	3,65
120	0-5	6,56	6,98	3,34	18,93	156,48	5,22	2,71	2,26	6,58
120	5-10	6,21	5,08	2,50	10,08	153,26	4,34	1,50	2,59	5,44
180	0-5	6,61	8,18	4,53	14,51	214,40	7,94	3,33	3,06	7,35
180	5-10	6,38	5,05	2,80	11,76	180,36	5,79	1,74	2,76	6,91

APÊNDICE 2. ATRIBUTOS BIOLÓGICOS DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO NA PROFUNDIDADE DE 0-5 e de 5-10 cm NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.

Doses	Profundidade	Época	Rep	CBM	Ctotal	Ntotal	NBM	qCO ₂	qMic	RM
m ³ ha ⁻¹ ano ⁻¹	cm			mg Cmic kg ⁻¹ solo	g kg ⁻¹ solo	mg N kg ⁻¹ solo	mg C-CO ₂ mg Cmic ⁻¹ kg ⁻¹ solo h ⁻¹	%	mg C-CO ₂ kg ⁻¹ solo h ⁻¹	
0	0-5	Primavera	1	106,991	1,684	0,169	22,095	0,004	0,635	0,477
0	0-5	Primavera	2	92,868	1,918	0,177	31,832	0,010	0,484	0,907
0	0-5	Primavera	3	70,839	1,739	0,171	20,658	0,010	0,407	0,692
0	0-5	Primavera	4	77,116	2,127	0,199	18,686	0,013	0,363	1,022
0	0-5	Outono	1	77,415	1,290	0,131	7,715	0,005	0,600	0,419
0	0-5	Outono	2	50,319	1,263	0,128	10,837	0,010	0,398	0,484
0	0-5	Outono	3	97,391	1,746	0,162	31,446	0,007	0,558	0,645
0	0-5	Outono	4	79,267	1,395	0,139	10,842	0,008	0,568	0,649
0	5-10	Primavera	1	35,473	2,449	0,233	7,936	0,007	0,145	0,246
0	5-10	Primavera	2	53,432	2,295	0,227	9,809	0,008	0,220	0,454
0	5-10	Primavera	3	81,519	2,720	0,285	2,810	0,002	0,334	0,239
0	5-10	Primavera	4	77,081	1,142	0,113	21,130	0,007	0,668	0,571
0	5-10	Outono	1	41,328	0,725	0,076	8,860	0,006	0,570	0,231
0	5-10	Outono	2	59,165	1,226	0,094	12,306	0,007	0,669	0,394
0	5-10	Outono	3	58,562	0,931	0,099	12,836	0,008	0,588	0,470
0	5-10	Outono	4	65,700	0,986	0,087	10,792	0,007	0,729	0,449
60	0-5	Primavera	1	132,779	1,665	0,161	60,404	0,007	0,797	0,894
60	0-5	Primavera	2	116,392	1,679	0,162	49,202	0,007	0,693	0,828
60	0-5	Primavera	3	98,294	1,680	0,164	28,558	0,009	0,585	0,865
60	0-5	Primavera	4	91,102	1,850	0,174	35,285	0,010	0,492	0,903
60	0-5	Outono	1	62,737	1,454	0,147	11,793	0,009	0,431	0,565
60	0-5	Outono	2	64,859	1,728	0,167	35,319	0,007	0,375	0,467

60	0-5	Outono	3	115,086	1,678	0,161	9,155	0,006	0,686	0,723
60	0-5	Outono	4	127,002	1,960	0,178	18,473	0,005	0,648	0,600
60	5-10	Primavera	1	83,297	2,451	0,225	29,799	0,007	0,340	0,607
60	5-10	Primavera	2	130,394	2,295	0,216	18,677	0,008	0,568	0,992
60	5-10	Primavera	3	70,869	2,720	0,244	13,470	0,003	0,261	0,214
60	5-10	Primavera	4	156,831	1,142	0,110	9,320	0,002	1,374	0,321
60	5-10	Outono	1	50,414	0,835	0,093	9,515	0,008	0,604	0,405
60	5-10	Outono	2	90,541	1,226	0,120	13,943	0,005	0,739	0,464
60	5-10	Outono	3	67,115	0,931	0,093	8,518	0,007	0,721	0,464
60	5-10	Outono	4	62,193	0,986	0,097	2,203	0,007	0,631	0,455
120	0-5	Primavera	1	102,782	1,242	0,138	63,615	0,011	0,746	1,029
120	0-5	Primavera	2	93,487	2,105	0,197	47,441	0,011	0,444	1,025
120	0-5	Primavera	3	97,086	1,504	0,145	38,794	0,007	0,645	0,665
120	0-5	Primavera	4	133,625	2,743	0,257	50,658	0,008	0,487	1,033
120	0-5	Outono	1	130,453	1,468	0,155	16,203	0,005	0,888	0,654
120	0-5	Outono	2	125,242	1,913	0,181	24,392	0,005	0,655	0,625
120	0-5	Outono	3	75,277	1,994	0,198	21,714	0,010	0,377	0,740
120	0-5	Outono	4	150,426	1,797	0,176	6,115	0,005	0,837	0,731
120	5-10	Primavera	1	101,077	2,153	0,198	23,049	0,006	0,469	0,567
120	5-10	Primavera	2	83,584	1,898	0,175	6,451	0,008	0,440	0,709
120	5-10	Primavera	3	45,943	2,373	0,221	18,857	0,015	0,194	0,676
120	5-10	Primavera	4	61,778	1,393	0,143	23,458	0,010	0,443	0,589
120	5-10	Outono	1	105,334	2,565	0,251	14,745	0,006	0,411	0,609
120	5-10	Outono	2	74,501	1,160	0,115	11,068	0,007	0,642	0,526
120	5-10	Outono	3	82,945	1,373	0,125	20,245	0,007	0,604	0,582
120	5-10	Outono	4	54,652	1,173	0,176	6,115	0,009	0,466	0,483
180	0-5	Primavera	1	110,559	1,090	0,107	40,353	0,009	1,014	1,011
180	0-5	Primavera	2	78,706	1,091	0,102	19,812	0,012	0,721	0,958

180	0-5	Primavera	3	106,916	0,785	0,077	51,530	0,010	1,363	0,748
180	0-5	Primavera	4	101,156	3,305	0,257	64,152	0,010	0,306	1,024
180	0-5	Outono	1	219,286	2,678	0,262	43,586	0,003	0,819	0,678
180	0-5	Outono	2	72,429	2,217	0,209	21,851	0,010	0,327	0,753
180	0-5	Outono	3	155,636	2,277	0,219	45,212	0,005	0,683	0,721
180	0-5	Outono	4	172,455	2,074	0,176	6,115	0,004	0,832	0,776
180	5-10	Primavera	1	95,528	2,678	0,190	43,586	0,006	0,487	0,546
180	5-10	Primavera	2	114,450	2,217	0,154	21,851	0,008	0,713	0,948
180	5-10	Primavera	3	87,786	2,277	0,162	45,212	0,009	0,510	0,748
180	5-10	Primavera	4	105,814	2,074	0,166	6,115	0,007	0,605	0,708
180	5-10	Outono	1	68,851	1,510	0,156	12,306	0,009	0,456	0,649
180	5-10	Outono	2	68,625	1,484	0,139	11,124	0,010	0,462	0,711
180	5-10	Outono	3	88,977	1,360	0,137	57,227	0,006	0,654	0,538
180	5-10	Outono	4	59,328	1,247	0,121	14,733	0,008	0,476	0,480

CBM – carbono da biomassa microbiana; Ctotal – carbono orgânico total; Ntotal – nitrogênio total; NBM – nitrogênio da biomassa microbiana; qCO₂ – quociente metabólico; qMic – quociente microbiano; RM – respiração microbiana.

APÊNDICE 3. ATRIBUTOS QUÍMICOS DO DEJETO LÍQUIDO BOVINO APLICADO EM 2019 NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.

Parametro	Extrator	Umidade	Método	Dejeto Líquido	Dejeto Sólido
Matéria Seca 105°		%	POP 037	6,31	--
Pentóxido de Fósforo Total	Ácido	%	POP 036	0,15	1,68
Óxido de Potássio	Ácido	%	POP 036	0,38	3,76
Enxofre Total	Ácido Nítrico	mg/Kg	-	321,69	--
Sódio	Ácido	mg/Kg	POP 036	1291,59	--
Óxido de Cálcio	Ácido	%	POP 036	0,25	2,48
Óxido de Magnésio	Ácido	%	POP 036	0,21	2,39
Enxofre Total	Ácido Nítrico	%	-	--	0,38
Sódio	Ácido	%	POP 036	--	1,35
Boro	Ácido	mg/Kg	POP 036	1,98	26,83
Ferro	Ácido	mg/Kg	POP 036	162,54	1771,62
Manganês	Ácido	mg/Kg	POP 036	18,61	179,83
Cobre	Ácido	mg/Kg	POP 036	5,03	58,06
Zinco	Ácido	mg/Kg	POP 036	20,09	228,48
Carbono	Calcinação	%	POP 057	2,58	37,30
Densidade	Gravimetria	g/cm ³	MAPA	1,0650	0,2800
Nitrogênio	Dumas	%	POP 041	0,55	2,16

APÊNDICE 4. ANÁLISE DE VARIÂNCIA PARA OS ATRIBUTOS: CARBONO DA BIOMASSA MICROBIANA (CBM), CARBONO ORGÂNICO TOTAL (Ctotal), NITROGÊNIO DA BIOMASSA MICROBIANA (NBM), NITROGÊNIO TOTAL (Ntotal), RESPIRAÇÃO MICROBIANA (RM), QUOCIENTE METABÓLICO (qCO_2) E QUOCIENTE MICROBIANO ($qMic$) DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DOSES DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO A LONGO PRAZO, NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.

Atributos	FV	GL	SQ	QM	F
CBM	Bloco	3	1820,26110	606,75370	0,46970
	Doses	3	11256,81200	3752,27066	0,00320
	Profundidade	1	12737,59680	12737,59685	0,00010
	Época	1	232,71370	232,71374	0,56900
	Doses*Profundidade	3	2155,71580	718,57192	0,39430
	Doses*Época	3	4720,77330	1573,59110	0,09820
	Profundidade*Época	1	3181,00680	3181,00684	0,03950
	Doses*Profundidade*Época	3	4789,29970	1596,43324	0,09460
	Residuo	45	31816,25590	707,02791	
	Total	60	72710,43520		CV %= 3,27
Ctotal	Bloco	3	0,01708	0,00569	0,99540
	Doses	3	0,91754	0,30585	0,31960
	Profundidade	1	0,15499	0,15499	0,43910
	Época	1	2,99026	2,99026	0,00130
	Doses*Profundidade	3	0,00866	0,00289	0,99830
	Doses*Época	3	1,30102	0,43367	0,17940
	Profundidade*Época	1	3,64947	3,64947	0,00040
	Doses*Profundidade*Época	3	1,02596	0,34199	0,27180
	Residuo	45	11,44278	0,25428	
	Total	60	21,50778		CV %= 48,2
NBM	Bloco	3	632,11990	210,70664	0,25740
	Doses	3	2229,09140	743,03047	0,00490
	Profundidade	1	2967,21920	2967,21922	0,00010
	Época	1	2466,39610	2466,39611	0,00020
	Doses*Profundidade	3	309,77060	103,25687	0,56750
	Doses*Época	3	583,29790	194,43262	0,56750
	Profundidade*Época	1	955,64900	955,64905	0,01560
	Doses*Profundidade*Época	3	239,64270	79,88090	0,66550
	Residuo	45	6810,62480	151,34722	
	Total	60	17193,81170		CV %= 7,43
Ntotal	Bloco	3	0,00082	0,00027	0,92540
	Doses	3	0,00511	0,00170	0,41250
	Profundidade	1	0,00251	0,00251	0,23660
	Época	1	0,01412	0,01412	0,00670
	Doses*Profundidade	3	0,00075	0,00025	0,93340
	Doses*Época	3	0,02621	0,00874	0,00440
	Profundidade*Época	1	0,02306	0,02306	0,00070
	Doses*Profundidade*Época	3	0,00601	0,00200	0,34060
	Residuo	45	0,07856	0,00175	
	Total	60	0,15714		CV %= 15,5
	Bloco	3	0,12248	0,04083	0,12500
	Doses	3	0,49153	0,16384	0,00020

R. M	Profundidade	1	0,82515	0,82515	0,00000
	Época	1	0,40299	0,40299	0,00010
	Doses*Profundidade	3	0,02641	0,00880	0,72910
	Doses*Época	3	0,01408	0,00469	0,87370
	Profundidade*Época	1	0,10780	0,10780	0,02570
	Doses*Profundidade*Época	3	0,01679	0,00560	0,84210
	Residuo	45	0,91098	0,02024	
	Total	60	2,91821		CV % = 34,09
qCO₂	Bloco	3	0,00002	0,00001	0,26140
	Doses	3	0,00002	0,00001	0,33890
	Profundidade	1	0,00001	0,00001	0,22840
	Época	1	0,00002	0,00002	0,03780
	Doses*Profundidade	3	0,00002	0,00001	0,33970
	Doses*Época	3	0,00002	0,00001	0,29520
	Profundidade*Época	1	0,00004	0,00004	0,01170
	Doses*Profundidade*Época	3	0,00001	0,00000	0,43520
	Residuo	45	0,00023	0,00001	
Total	60	0,00039		CV % = 23,86	
qMic	Bloco	3	6,08507	2,02836	0,7471
	Doses	3	24,01626	8,00542	0,1991
	Profundidade	1	11,18891	11,18891	0,1410
	Época	1	2,06736	2,06736	0,5217
	Doses*Profundidade	3	21,15107	7,05036	0,2486
	Doses*Época	3	23,82179	7,94060	0,2021
	Profundidade*Época	1	7,24329	7,24329	0,2330
	Doses*Profundidade*Época	3	2,09880	0,69960	0,9348
	Residuo	45	223,03154	4,95626	
Total	60	320,70408		CV % = 42,3	

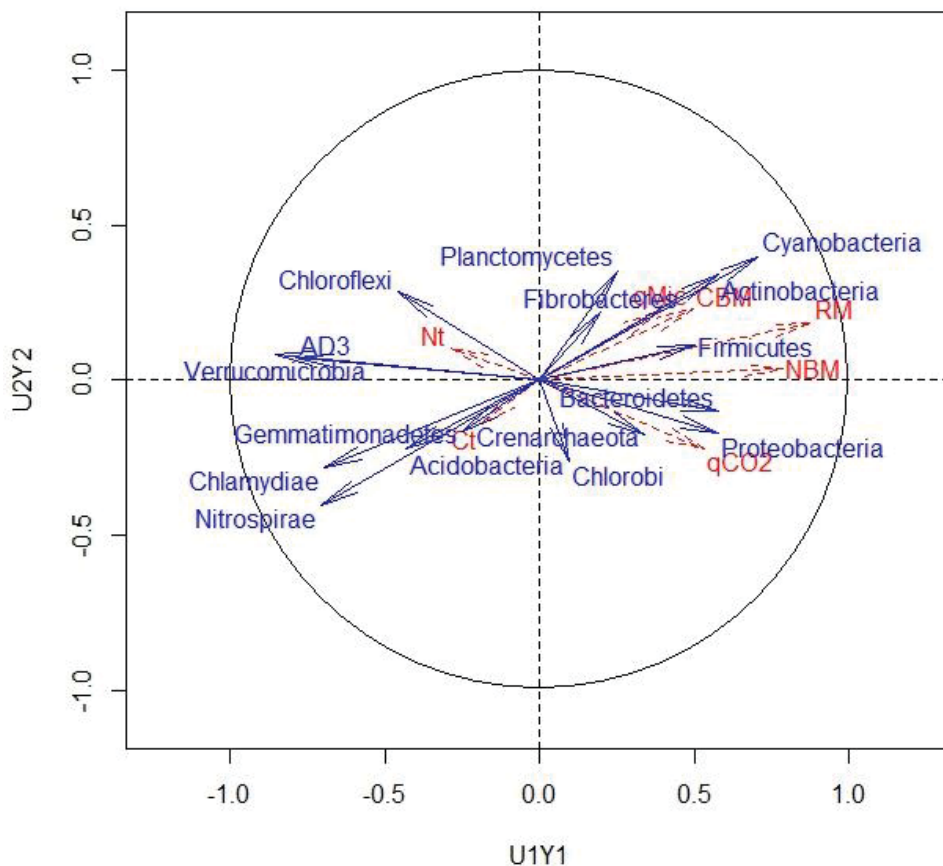
F.V.: Fonte de variação; G.L.: Graus de liberdade; S.Q.: Soma de quadrado; Q.M.:

Quadrado médio; F: Estatística do teste F; CV%: Coeficiente de variação em %.

APÊNDICE 5. ANÁLISE DE CORRELAÇÃO CANÔNICA (ACC) ENTRE OS ATRIBUTOS MICROBIOLÓGICOS E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM SISTEMA PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO (DLB) A LONGO PRAZO AVALIADO NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR.

Correlação YX	pH	Ca	Mg	K	P	Cu	Mn	Zn
Crenarchaeota	0,40	0,45	0,47	0,60	0,58	0,59	0,41	0,66
AD3	-0,79	-0,61	-0,56	-0,74	-0,48	-0,54	-0,69	-0,69
Acidobacteria	-0,55	-0,41	-0,43	-0,28	-0,15	-0,16	-0,44	-0,09
Actinobacteria	0,55	0,40	0,38	0,36	-0,03	0,09	0,50	-0,01
Bacteroidetes	0,65	0,51	0,47	0,46	0,43	0,41	0,48	0,65
Chlamydiae	-0,68	-0,65	-0,54	-0,50	-0,14	-0,20	-0,55	-0,30
Chlorobi	0,31	0,05	0,16	0,33	0,22	0,14	0,08	0,30
Chloroflexi	-0,52	-0,35	-0,34	-0,55	-0,59	-0,55	-0,42	-0,75
Cyanobacteria	0,46	0,45	0,28	0,30	-0,02	0,07	0,45	0,09
Fibrobacteres	0,15	0,03	-0,04	0,35	-0,03	-0,01	0,12	0,14
Firmicutes	0,37	0,59	0,61	0,51	0,60	0,68	0,64	0,46
Gemmatimonadetes	-0,19	-0,42	-0,39	-0,38	-0,57	-0,59	-0,43	-0,43
Nitrospirae	-0,55	-0,57	-0,48	-0,38	-0,04	-0,13	-0,59	-0,14
Planctomycetes	0,42	0,36	0,35	0,40	0,07	0,15	0,38	0,35
Proteobacteria	0,60	0,42	0,41	0,42	0,53	0,44	0,50	0,51
Verrucomicrobia	-0,78	-0,58	-0,52	-0,65	-0,40	-0,47	-0,69	-0,54

APÊNDICE 6, ANÁLISE DE CORRELAÇÃO CANÔNICA (ACC) ENTRE OS ATRIBUTOS MICROBIOLÓGICOS E DA ESTRUTURA DA COMUNIDADE MICROBIANA DE UM LATOSSOLO VERMELHO-AMARELO SOB ROTAÇÃO DE CULTURAS EM SISTEMA PLANTIO DIRETO SUBMETIDO À APLICAÇÃO DE DEJETO LÍQUIDO BOVINO (DLB) A LONGO PRAZO AVALIADO NA PRIMAVERA (NOVEMBRO 2018) NO CAMPO DEMONSTRATIVO EXPERIMENTAL (CDE) DA FUNDAÇÃO ABC, LOCALIZADO NO MUNICÍPIO DE PONTA GROSSA-PR,



APÊNDICE 7, SCRIPT DAS ANÁLISE ESTATÍSTICAS REALIZADAS NO AMBIENTE R

ANOVA	Análise de Componentes Principais	Correlação Canônica
Dados<read.xlsx("C:/Users/Stoll/Desktop/Mestrado/Análise/CB	acp <- prcomp(Y[,5:48], scale = TRUE)	library(MVar,pt)
M_R.xlsx")		dados_originals <- read.table ("Pasta2.csv", sep =
Fator1 <- Doses		";", header = TRUE, dec = ",");
Fator2 <- Profundidade	summary (acp)	U<-
Fator3 <- Época	autoplot (acp, data = Y, colour ="Doses", loadings = TRUE,	as,data,frame(NormData(dados_originals[,5:11],2))
fat3.dbc(Doses , Profundidade , Época , Rep, qCO2, quali =	loadings,colour = "blue", loadings,label = TRUE,	V<-
c(FALSE, TRUE, TRUE),	loadings,label,size =3)	as,data,frame(NormData(dados_originals[,20:35],2))
"Época"), sigT = 0,05, sigF = 0,05)	cor(Y[,5:48])	RespCCA <- CCA(U, V, Type = 2, Test = "Bartlett",
		Sign = 0,05)
		Tit = c("Scree-plot","Correlações","Scores
		U","Scores V")
		Plot,CCA(RespCCA, Titles = "Pares Canônicos",
		xlabel = "U1Y1", ylabel = "U2Y2",
		Color = TRUE, Casc = TRUE)