

Alteração da biodiversidade microbiana do solo devido ao cultivo agrícola: uma revisão

Change in soil microbial biodiversity due to agricultural cultivation: a review

Cambio en la biodiversidad microbiana del suelo debido al cultivo agrícola: una revisión

Recebido: 28/10/2022 | Revisado: 14/11/2022 | Aceitado: 15/11/2022 | Publicado: 21/11/2022

Kethelin Cristine Laurindo de Oliveira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5235-9504>
Universidade Federal de Mato Grosso, Brasil
E-mail: kethelinlaurindo@hotmail.com

Tania de Fátima Silveira dos Santos

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1507-8973>
Universidade Federal de Mato Grosso, Brasil
E-mail: tanciasantos292@gmail.com

Cinthia Ramona Jiraneck da Rosa

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4950-1642>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: Cinthia.rosa@unemat.br

Renan da costa Vieira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8677-8360>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: renanviieira23@gmail.com

Domingos de Jesus Rodrigues

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8360-2036>
Universidade Federal de Mato Grosso, Brasil
E-mail: djmingo23@gmail.com

Sumaya Ferreira Guedes

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1613-3647>
Universidade do Estado de Mato Grosso, Brasil
E-mail: Sumayaguedes@unemat.br

Oscarlina Lúcia dos Santos Weber

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0625-4904>
Universidade Federal de Mato Grosso, Brasil
E-mail: oscarlinaweber@gmail.com

Resumo

Solos agrícolas tendem a perder sua qualidade conforme o seu uso, manejo e dos cultivos, principalmente em relação a comunidade de microrganismos presente no solo. Para levantar informações sobre a alteração da biodiversidade microbiana do solo devido ao cultivo agrícola objetivou-se com esta revisão bibliográfica utilizar o banco de dados *Scopus* para verificar a literatura existente sobre o tema proposto e se há alteração conforme seu manejo. A busca foi realizada nos artigos contidos no banco de dados buscando no título, resumo e palavras chaves utilizando quatro termos indexados: *biodiversity*, *microbial*, *soil* e *agricultural*. Foram encontrados 891 artigos e estes foram utilizados para a análise bibliométrica, para a escrita deste artigo utilizou-se dois filtros: para os artigos de acesso aberto e dos anos de 2017 a 2022, selecionando então 216 artigos para serem estudados nesta revisão. Com o auxílio do programa estatístico R versão 4.2.0 foi realizada a análise bibliométrica com o pacote *bibliometrix*. Na análise bibliométrica foi possível identificar que os artigos relacionados ao tema começaram a ser publicados no ano de 1992 com poucas publicações, ultrapassando a marca de 25 artigos publicados por ano apenas em 2008, passando de 75 artigos publicados ao ano apenas em 2017 e desde então aumentou o interesse de publicação na área. Também foi possível observar que o país que mais publica com o tema é os Estados Unidos e a palavra mais citada nos títulos dos artigos é o microrganismo bactéria. Esta revisão revela que a mudança de um sistema nativo para cultivo agrícola, bem como a espécie cultivada, a biodiversidade microbiana do solo se altera.

Palavras-chave: Análise bibliométrica; Comunidade; Microrganismos.

Abstract

Agricultural soils tend to lose their quality according to their use, management and cultivation, especially in relation to the community of microorganisms present in the soil. In order to gather information on the alteration of soil microbial biodiversity due to agricultural cultivation, the objective of this bibliographic review was to use the *Scopus* database to verify the existing literature on the proposed theme and if there is any change according to its

management. The search was carried out in the articles contained in the database, searching the title, abstract and keywords using four indexed terms: biodiversity, microbial, soil and agricultural. 891 articles were found and these were used for bibliometric analysis, for the writing of this article two filters were used: for open access articles and for the years 2017 to 2022, selecting 216 articles to be studied in this review. With the help of the statistical program R version 4.2.0, the bibliometric analysis was performed with the bibliometrix package. In the bibliometric analysis, it was possible to identify that articles related to the topic began to be published in 1992 with few publications, surpassing the mark of 25 articles published per year only in 2008, going from 75 articles published a year only in 2017 and since then. increased publication interest in the area. It was also possible to observe that the country that publishes the most on the subject is the United States and the word most cited in the titles of the articles is the bacteria microorganism. This review reveals that the change from a native system to agricultural cultivation, as well as the cultivated species, the microbial biodiversity of the soil changes.

Keywords: Bibliometric analysis; Community; Microorganisms.

Resumen

Los suelos agrícolas tienden a perder su calidad según su uso, manejo y cultivo, especialmente en relación a la comunidad de microorganismos presentes en el suelo. Con el fin de recabar información sobre la alteración de la biodiversidad microbiana del suelo a causa del cultivo agrícola, el objetivo de esta revisión bibliográfica fue utilizar la base de datos Scopus para verificar la literatura existente sobre el tema propuesto y si existe algún cambio según su manejo. La búsqueda se realizó en los artículos contenidos en la base de datos, buscando el título, resumen y palabras clave utilizando cuatro términos indexados: biodiversidad, microbiano, suelo y agrícola. Se encontraron 891 artículos y estos se utilizaron para el análisis bibliométrico, para la redacción de este artículo se utilizaron dos filtros: para artículos de acceso abierto y para los años 2017 a 2022, seleccionándose 216 artículos para ser estudiados en esta revisión. Con ayuda del programa estadístico R versión 4.2.0 se realizó el análisis bibliométrico con el paquete bibliometrix. En el análisis bibliométrico se pudo identificar que los artículos relacionados con el tema comenzaron a publicarse en 1992 con pocas publicaciones, superando la marca de 25 artículos publicados por año solo en 2008, pasando de 75 artículos publicados por año solo en 2017 y desde entonces, aumentó el interés de publicación en el área. También se pudo observar que el país que más publica sobre el tema es Estados Unidos y la palabra más citada en los títulos de los artículos es bacteria microorganismo. Esta revisión revela que el cambio de un sistema nativo a un cultivo agrícola, así como las especies cultivadas, cambia la biodiversidad microbiana del suelo.

Palabras clave: Análisis bibliométrico; Comunidad; Microorganismos.

1. Introdução

A degradação do solo, vem sendo intensificado com o seu uso inadequado, através práticas agrícolas intensivas, como a monocultura, uso de fertilizantes inorgânicos, sem manejo planejado, ocasionando diminuição da matéria orgânica, afetando a saúde do solo e consequentemente a sustentabilidade e segurança alimentar do planeta (Anggraini et. al., 2020),

O crescente avanço tecnológico, e a visão de que o meio ambiente é fonte inesgotável de recursos, aliados ao capitalismo e ao impacto da atividade humana no planeta tem sido muito grande que está afetando os ciclos da água, do clima e a biodiversidade do solo. (Testa et al.; 2020).

Os solos agrícolas degradados em virtude desse mau uso da terra, perdem a sua diversidade de microrganismos e plantas que compõem suas características químicas, físicas e biológicas, e ocasionam baixa diversidade biológica e o empobrecimento da vida do solo (Wolińska et. al., 2017).

Em estudo realizado pela Universidade de Copenhague em (2012), os cientistas alertaram que a perda da biodiversidade é causada pela degradação do meio ambiente, ocasionando mudanças climáticas, como erosões e desertificação, emissão de poluentes na água e no ar, tudo reflexo da ação humana no ambiente. (Testa et al.; 2020).

A preservação da microbiologia do solo, é muito importante, dentro do sistema produtivo de áreas agrícolas. A microbiota desses solos tem grande importância, pois atua, na ciclagem de nutrientes, na sustentação do ecossistema, na cadeia alimentar, ligada a um conjunto de fatores abióticos e bióticos influenciando diretamente na ecologia, na atividade e na dinâmica populacional de microrganismos no solo. (Cardoso & Andreote, 2016).

O solo deve ter vida, e essa vida é estabelecida pela abundância de microrganismos que mantem os ecossistemas e dependem do fornecimento de matéria orgânica de forma constante e diversificada, fomentando o desenvolvimento de variadas

formas de vida no solo, mantendo ou melhorando a qualidade do solo em sistemas de cultivo agrícola, sendo considerado de extrema importância para garantir a produtividade e a qualidade dos solos agricultáveis, (Lal, 2004).

Os microrganismos do solo desempenham um papel fundamental em vários ciclos biogeoquímicos, sendo responsáveis por impulsionar a ciclagem de carbono e outros nutrientes tendo ação direta na produtividade das plantas (Changey et. at., 2022).

A matéria orgânica tem efeito direto e indireto sobre as propriedades do solo, exercendo grande influência sobre a capacidade produtiva dos solos agricultáveis, porém sendo difícil quantificar o carbono orgânico presente relacionado à estabilidade e produtividade dos sistemas agrícolas (LAL, 2004).

O grande desafio para a agricultura ser sustentável, é buscar a conscientização da ação humana, para implantar práticas agrícolas em áreas produtivas sem causar maiores danos a saúde do solo, que é a base para a produção de alimentos e para todos os serviços ambientais que o solo presta ao planeta, e ao ser humano.

Dado ao surgimento de novas ferramentas, as quais tem propulsionado pesquisas no Brasil e em outros países, e para levantar informações sobre a alteração da biodiversidade microbiana do solo, devido ao cultivo agrícola, objetivou-se com esta revisão bibliográfica utilizar o banco de dados *Scopus* para avaliar se há alteração na diversidade dos microrganismos do solo com o uso para o cultivo agrícola.

2. Metodologia

Revisão bibliográfica de caráter narrativo, de acordo com Correia e Mesquita (2014). Utilizou-se a bibliometria com o objetivo de analisar e gerar informações sobre a temática estudada neste artigo em determinado espaço de tempo, para isso foi escolhido o banco de dados da *Scopus* para o levantamento dos artigos e os termos indexados de busca escolhidos foram *biodiversity*, *microbial*, *soil* e *agricultural*, realizando a busca no título, resumo e palavras chaves dos artigos. Foram encontrados 891 artigos e com o auxílio do programa estatístico R versão 4.2.0 foi realizado a análise bibliométrica utilizando o pacote bibliometrix para gerar os gráficos e figuras abordados neste estudo.

Para analisar a evolução da importância do tema proposto foi utilizado todo o banco de dados para realizar uma análise temporal da quantidade de artigos publicados por ano, também foi analisado quais os países que mais se publica com este tema e a cooperação de publicação entre os países. Outro item analisado foi o termo mais utilizado no título dos artigos publicados.

Para a escrita do presente artigo foi utilizado dois filtros no banco de dados: para artigos que fossem de acesso aberto e no período de 2017 a 2022, restando assim 216 artigos e estes foram selecionados para a presente revisão.

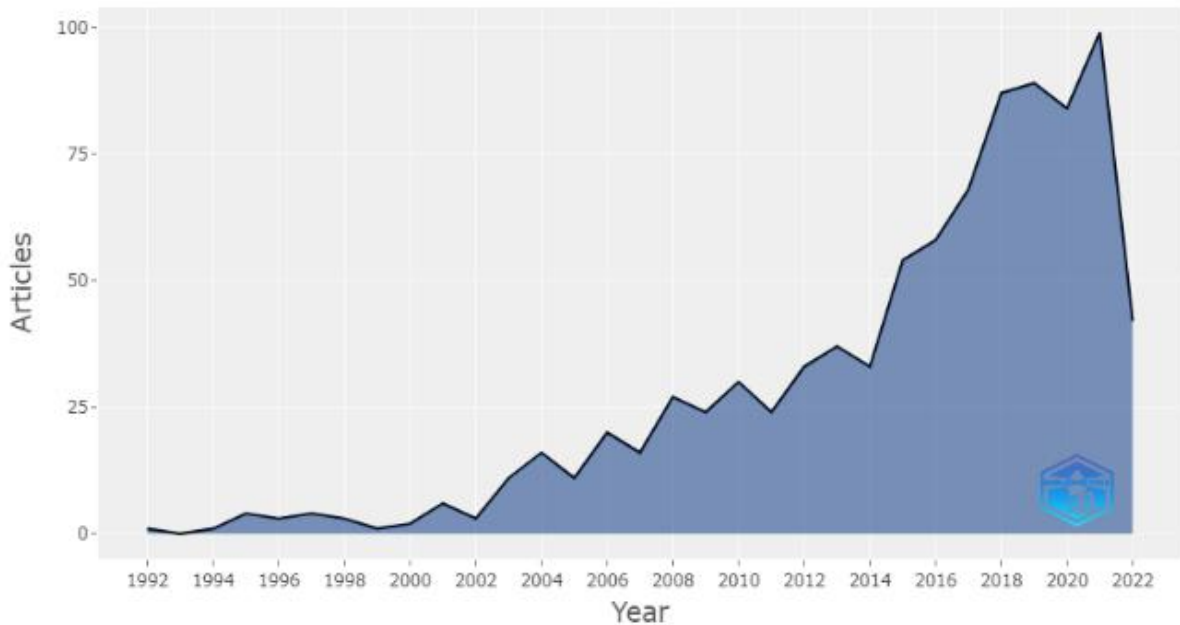
Ao analisar os artigos, alguns foram descartados por não estarem de acordo com a temática proposta, dentre os artigos que se enquadravam na temática foi gerada uma tabela para analisar quais foram as culturas agrícolas utilizadas nos experimentos de avaliação da microbiota do solo e então selecionados estes artigos para a escrita do presente artigo.

3. Resultados e Discussão

3.1 Análise Bibliométrica

Por meio da análise realizada foi possível perceber que o estudo sobre a diversidade microbiana do solo teve seu início com publicações a partir do ano de 1992, com uma baixa produção (Figura 1). Com o passar dos anos houve acréscimo nas pesquisas, ultrapassando a marca dos 25 artigos publicados por ano em 2008, quase uma década depois ultrapassou a marca de 50 artigos publicados por ano e agora em 2022 está quase chegando a marca de 100 artigos publicados por ano.

Figura 1 - Gráfico sobre a representação das publicações de artigos anualmente sobre a comunidade microbiana no solo agrícola gerado através da análise bibliométrica.



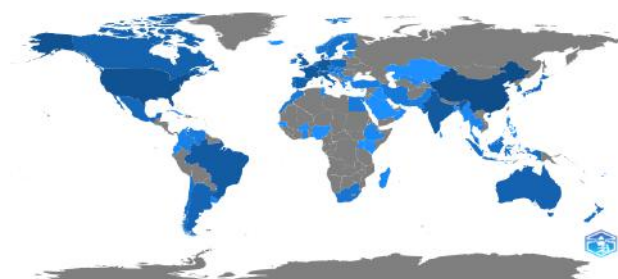
Fonte: Autores.

É nítido a evolução das publicações durante os anos sobre a diversidade microbiana do solo e isso ocorreu devido a descoberta da importância destes microrganismos para que se tenha solos equilibrados e saudáveis, que gerem boa produção. Com o passar dos anos os pesquisadores foram descobrindo que algumas espécies de microrganismos são essenciais para a disponibilização de nutrientes para as culturas e com isso o conhecimento de quais gêneros ou espécies exercem quais funções no solo e se estes estão presente em determinadas regiões passou a ter grande importância para os pesquisadores e agricultores.

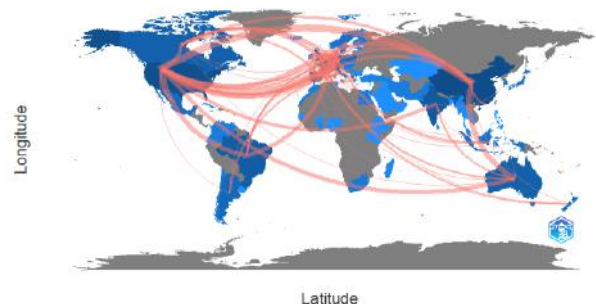
Alguns países se destacam em publicar sobre o tema, os Estados Unidos é o País que mais publica artigos relacionados ao tema trabalhado neste estudo e o Brasil ocupa a décima terceira posição (Figura 2a). Outro fator observado na análise é que há uma rede de colaboração entre os países na publicação sobre o tema (Figura 2b).

Figura 2 - Mapa da produção científica no mundo gerado através da análise bibliométrica (a) e colaboração entre os países nas publicações (b).

Country Scientific Production



Country Collaboration Map



Fonte: Autores.

Ao analisar a figura acima é possível verificar que os principais países produtores de grãos no mundo então entre os que pesquisam sobre o tema, também é possível verificar que estão presente nesta lista países que não possuem a agricultura como fonte principal da sua economia, mas que realizam estudos nesta área devido a preocupação com a degradação ambiental dos solos devido ao desmatamento e a poluição.

Ao analisar a nuvem de palavras encontradas no título dos artigos foi possível verificar que dentre os microrganismos mais citados se encontram as bactérias (Figura 3), pois a maioria dos autores deram ênfase as bactérias quando analisaram a comunidade microbiana do solo e em segunda importância fungos. Pouco se trabalhou com os outros microrganismos como vírus, archae, protozoários, nematoides, etc.

Figura 3 - Nuvem de palavras contidas no título dos artigos obtida através da análise bibliométrica.



Fonte: Autores.

Ao ler os artigos selecionados foi verificado que a maioria realizou o estudo somente com a comunidade de bactéria presente no solo, quando muito trabalharam com fungos. Este fato está relacionado com o banco de dados de DNA's dos laboratórios de pesquisa, dentre os microrganismos bactéria e fungo são os que possuem o maior número de sequenciamento, deixando assim os outros grupos de microrganismos em desvantagem nas pesquisas, pois o sistema de análise é mais trabalhoso e demorado quando comparados com análises do DNA encontrado nas amostras.

3.2 Comunidade microbiana em solos agrícolas

A saúde do solo se tornou uma das principais preocupações globais quando se pensa em sustentabilidade e segurança alimentar, a degradação dos solos agrícolas tem sido considerada tão graves quanto à perda da biodiversidade e a crise climática (Gillingham et. al., 2022).

Os solos são heterogêneos e por isso, contém grande diversidade de microrganismos e plantas, que compõem suas características químicas, físicas e biológicas, porém solos agrícolas em sua grande maioria são, biologicamente pobres devido a monocultura e o manejo empregado. A qualidade do solo era relacionada diretamente a sua produção, através de estudos na área houve mudanças nesta concepção, onde a qualidade do solo tem sido relacionada a capacidade que o solo tem de manter características biológicas e ambientais e promover a saúde de plantas e animais dentro dos ecossistemas (Wolińska et. al., 2017).

Os organismos vivos presentes no solo, desempenham um papel importante nos ecossistemas e as mudanças climáticas e as ameaças antropogênicas ao solo, como exemplo pode-se citar a monocultura intensiva podem afetar as funções do solo (Kim, et.al., 2022). A comunidade microbiana na rizosfera das plantas cultivadas e no próprio solo, são afetados significativamente por diferentes fatores bióticos e abióticos, interferindo nas condições de crescimento da planta e alterando a biodiversidade do sistema solo-planta (Khan, et al., 2022).

Os microbiomas vegetais são diretamente afetados pela variação do ambiente, do tipo de solo, entre espécies de plantas, diferença de genótipos e entre compartimentos ou tecidos vegetais (Costa et. al., 2022). As espécies de plantas cultivadas no solo influenciam na microbiota devido aos exsudatos radiculares que são específicos de cada espécie, o tipo funcional da planta e suas características como produtividade, fisiologia e arquitetura radicular (Cappelli, et.al., 2022).

As raízes são as partes das plantas que estão em contato direto com o solo, são responsáveis pela fixação da planta no solo e também absorção de água e nutriente que pode ser facilitada pela microbioma associado (Costa et. al., 2022).

Diante desse fato realizou-se o levantamento nos artigos selecionados no banco de dados para saber em quais culturas foram realizados os estudos sobre alteração da microbiota solo. Observou-se que dentre as culturas de interesse comercial, das principais *commodities*, há poucos estudos relacionados a comunidade de microrganismos de solo (Tabela 1).

Tabela 1 - Quantidade de artigos publicados sobre o estudo da microbiota de solos agrícolas e as culturas implantadas durante a pesquisa.

Cultura	Culturas avaliadas
Vinhedo	5
Cana de açúcar	1
Pastagem	8
Milho	13
Azevem	2
Floresta	8
Trigo	3
Pimenta	1
Switchgrass	1
Feijão caupi	2
Hortaliças	1
Amendoas	1
Batata	5
Dendezeiro	3
Alho	1
Soja	8
Trevo	1
Palha de arroz	1
Amendoim	2
Arroz	2
feijão	3
Seringueiras	1
Paisagem Agrícola	1

Fonte: Autores.

As plantas influenciam os microrganismos do solo, principalmente na rizosfera, fina camada de solo diretamente impactada pelas raízes das plantas que podem secretar entre 20 a 40% de seus fotossintatos na rizosfera (Navarro-Noya et. al., 2022), estimulando a atividade microbiana (Costa et. al., 2022).

A rizosfera contém açúcares, aminoácidos, ácidos orgânicos, mucilagem e células mortas das raízes que servem de alimento para a comunidade microbiana ali presente e dependendo da espécie de planta cultivada a disponibilidades deste alimento difere e com isso influencia positivamente ou negativamente os microrganismos ali presentes (Cappelli, et.al., 2022).

Associações íntimas são desenvolvidas entre as plantas e a comunidade microbiana do solo por meio dos processos de seleção, deriva, especiação e dispersão. Essas associações hospedeiro-microrganismo influenciam o desenvolvimento e rendimento das plantas hospedeiras melhorando a absorção de nutrientes, mitigando doenças e estresse abiótico e regulando seu crescimento e desenvolvimento (Costa et. al., 2022).

A diversidade de plantas e dos mecanismos de aportes de biomassa ao solo, como a produção de biomassa, os processos de suporte à ciclagem de nutrientes, o armazenamento de carbono no solo, auxiliam na manutenção dos sistemas de cultivos agrícolas tornando os agroecossistemas sustentáveis (Cappelli, et.al., 2022).

O sistema de consórcio de plantas, quando se utiliza o plantio de mais de uma planta no mesmo período no solo, pode aumentar o potencial de rendimento da cultura comercial implantada de modo a melhorar a qualidade do solo, e com isso, reduz a utilização de produtos químicos, inibindo doenças de solo, melhorando a eficiência dos nutrientes do solo e a função radicular da planta e também promover a biofuncionalidade dos microrganismos do solo (Wolińska et. al., 2022).

Os microrganismos do solo desempenham um papel fundamental em vários ciclos biogeoquímicos, sendo responsáveis por impulsionar a ciclagem de carbono e outros nutrientes tendo ação direta na produtividade das plantas (Changey et. at., 2022).

Vários processos ocorrem abaixo do solo, envolvidos na partição de recursos, decomposição, diluição de patógenos, seleção de espécies mutualísticas, entre outros, sendo fundamentais para o desenvolvimento das práticas agrícolas (Cappelli, et. al., 2022).

Em um agroecossistema as práticas agrícolas e a cultura cultivada definem a comunidade microbiana presente no solo e as interações mutualística entre estes microrganismos do solo na rizosfera são cruciais na produtividade do sistema (Navarro-Noya et. al., 2022).

A mineralização da matéria orgânica do solo afeta a abundância de micro-organismos benéficos do solo e consequentemente a saúde do solo (Angrainy et. al., 2020), os microrganismos benéficos presentes no solo podem melhorar a aquisição de nutrientes da planta, aumentar sua defesa e captura de nutrientes, tornar as plantas mais tolerantes ao estresse e consequentemente melhorar sua produtividade (Cappelli, et.al., 2022).

Outro ponto importante é o uso de microrganismos benéficos na agricultura, esta prática tem reduzido custos ambientais e socioeconômicos (Cappelli, et.al., 2022). Alguns microrganismos do solo desempenham papéis essenciais nos agroecossistemas realizando a transformação de materiais, participando do fluxo de energia e ciclagem de nutrientes (Wang et. al., 2022).

Kim et.al., (2022) avaliaram a comunidade microbiana de dois tipos de solo, solo sob floresta e solo cultivado com arroz. Só apareceram no solo cultivado com arroz, espécies como: *Bacillus cucumis*, *Hydrogenispora ethanolica*, *Luteitalea pratensis*, *Micromonospora oryzae*, *Nitrospira moscoviensis*, *Nocardioides mesophilus*, *Paeniglutamicibacter cryotolerans*, *Sphaerobacter thermophilus*, *Tepidimonas taiwanensis* e *Terrabacter carboxydivorans*, essas espécies são responsáveis, principalmente efeitos benéficos, como produção de etanol e hidrogênio, decomposição de uréia, oxidação de monóxido de carbono, etc. Outras espécies foram específicas do solo sob floresta *Actinomadura rifamycinii*, *Azospirillum agricola*, *Gelria glutamica*, *Methylobacillus flagellatus*, *Terriglobus saanensis* e *Thermanaerovibrio velox*, estas espécies estão associadas ao ciclo do nitrogênio ou à contaminação das águas subterrâneas e a *Gaiella oculta* foi a espécie dominante em solo agrícola e florestal.

Gobbi et. al., (2022) analisaram o solo de 200 vinhedos em quatro continentes e conseguiram relacionar os vinhedos e biodiversidade microbiana, solos com cultivo de videiras tende a ter a comunidade microbiana de bactérias composta por microrganismos dos filos *Proteobacteria*, *Actinobacteria* e *Acidobacteria*, a comunidade de procaríotos é dominada pelo filo *Archaea* e gênero *Nitrososphaera* e a comunidade fúngica é dominada pelos gêneros *Solicoccozyma*, *Mortierella* e *Alternaria*.

Kanh et. al., (2022) analisaram solo cultivado com cana de açúcar e identificaram 10 filos com maior abundância nas amostras *proteobacteria*, *actinobacteria*, *acidobacteria*, *chloroflexi*, *bacteroidetes* e *firmicutes*, avaliaram a influência de duas cultivares diferentes e perceberam que conforme a variedade a diversidade de bactérias era diferente, demonstrando que a cultivar implantada na área interfere na abundância e na diversidade da microbiota.

Duff et. al., (2022) avaliaram a comunidade microbiana do solo em diferentes fontes de adubo nitrogenado e com inibidores de urease (NBPT) e de nitrificação (DCD) e constataram que a adição de nutrientes e inibidores afetou a diversidade da microbiota. A adição do fertilizante CAN aumentou a abundância dos microrganismos dos gêneros *Chrysoosporium*, *Mycena*, *Vishniacozyma*, *Cotylidia*, *Claroideoglossum* e *Glomus*, este fertilizante teve efeito negativo na abundância dos gêneros *Metarhizium*. Quando utilizado a ureia como fertilizante, os gêneros *Holtermannia* e *Tylospora* apresentaram acréscimo na abundância e os gêneros *Lachnum*, *Neosascochyta*, *Gibberella* e *Clonostáquio* apresentaram decréscimo na abundância.

Navarro-Noya et. al., (2022) estudaram o cultivo do milho em 2 formas de manejo: a conservacionista e a convencional e identificaram que o milho em sistema conservacionista enriqueceu a rizosfera com bactérias copiotróficas de crescimento rápido como *Rhizobiales*, *Sphingomonadales*, *Xantomonadales* e *Burholderiales* enquanto que o milho em agricultura convencional teve enriquecimento de outros gêneros de bactérias copiotróficas como por exemplo *Halomonas* e *Bacillus*.

Wolińska et. al., (2022) avaliaram o plantio de milho em monocultura e o milho consorciado e observaram que as *proteobacterias* foram as mais abundantes no estudo, diferindo sua abundância na época do ano em que o solo foi coletado e o sistema de cultivo utilizado. Ao todo foram identificados 313 gêneros de bactérias onde 59 gêneros foram encontrados somente no sistema de plantio de milho consorciado e 67 gêneros somente no sistema de milho em monocultura. No cultivo de milho consorciado na primavera os gêneros de bactéria que predominaram foram *Gaiella*, *Rhodanobacter*, *Arenimonas*, *Gemmatimonas*, *Mucilaginibacter* e *Bryobacter* e para o cultivo de milho em monocultura *Gaiella*, *Gemmatomonas*, RB41 e *Bryobacter*. No verão houve a predominância de gêneros diferentes no milho em consórcio *Sphingomonas*, RB41, *Arenimonas*, *Gemmatimonas*, *Massilia*, *Bryobacter*, *Candidatus Solibacter*, *Rhodanobacter* e *Candidatus Koribacter* e no milho em monocultura *Sphingomonas*, RB41, *Arenimonas*, *Flavobacterium*, *Gemmatimonas* e *Rhodanobacter*. No outono, os gêneros de bactéria predominaram no cultivo de milho em consórcio foram RB41, *Sphingomonas*, *Massilia*, MND1, *Gemmatimonas*, *Bryobacter*, *Candidatus Solibacter*, *Rhodanobacter* e *Mucilaginibacter*, enquanto no sistema de milho de monocultivo *Sphingomonas*, RB41, *Arenimonas*, *Rhodanobacter*, *Gemmatimonas*, *Candidatus Solibacter*, *Pseudolabrys* e *Mucilaginibacter*.

Cornell et. al., (2022) avaliaram durante um ano quatro tipos de uso do solo pradaria, pastagem, trigo e canola e constataram que a riqueza bacteriana foi menor no verão e no outono, porém nenhum uso do solo teve uma comunidade mais diversificada ou rica ao longo do período de amostragem. Alguns táxons foram encontrados com maior abundância nos diferentes tipos de uso do solo *Actinobacteria* (20,16% a 24,67%), *Proteobacteria* (21,20% a 24,36%), *Firmicutes* (9,68% a 18,03%), *Acidobacteria* (9,20% a 13,53%) e *Chloroflexi* (4,23 a 9,90%) representando mais de 75% da abundância relativa de cada sistema e outros filos com menor abundância como *Bacteroidetes*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes* e *Verrucomicrobia*.

Zhao et. al., (2022) ao avaliarem a comunidade bacteriana em plantio de amendoim solteiro e amendoim consorciado com lichia puderam observar que no plantio em consórcio houve maior abundância absoluta da comunidade bacteriana, onde encontraram 12 grupos de filos com a abundância média da comunidade bacteriana do solo maior que 1% em ambos os cultivos como *Acidobacteria*, *Proteobacteria*, *Chloroflexi* e *Actinobacteria* e seis filos com diferença significativa em abundancia absoluta entre os dois tipos de cultivo, *Proteobacteria*, *Acidobacteria*, *Actinobacteria*, *Chloroflex*, *Bacterioidetes* e *Planctomycetes* apresentaram maior abundância no plantio de amendoim em consórcio com lichia

Costa et. al., (2022) ao avaliarem seis genótipos de Switchgrass (*Panicum virgatum*) em quatro tipos diferentes de solo puderam observar que não houve diferença significativa na comunidade microbiana entre os genótipos, mas sim nos tipos de solo utilizados no experimento. Avaliaram raízes fúngicas e bactérias e houve diferença significativa somente nos fungos, também observaram que vasos com solo e sem a Switchgrass apresentaram maior diversidade de microrganismos, demonstrando que a cultura também seleciona microrganismos durante seu cultivo.

Mao e Jiang (2021) avaliaram o cultivo durante 1, 5 e 9 anos de cultivo consecutivos de pimenta e observaram que conforme se aumentavam os anos microrganismos causadores de doença como *Fusarium* e *Gibberella*, outros microrganismos também aumentaram com o tempo como *Trichoderma* e *Chaetomium*, porém outros microrganismos como *Actinobactérias* diminuíram com os anos de cultivo.

Lopes et. al., (2021) ao avaliarem a comunidade bacteriana em três ecorregiões observaram 41 filos, sendo o mais abundante pertencente a *Actinobacteria* (33% do total de sequências), seguido por *Proteobacteria* (25%), *Acidobacteria* (9,5%), *Firmicutes* (8%), *Chloroflexi* (6,5%) , *Planctomycetes* (4,5%), *Verrucomicrobia* (3,5%), *Bacteroidetes* (2,2%), *Gemmatimonadetes* (1,7%) e *Cyanobacteria* (1,4%), que juntos representavam > 96% da comunidade bacteriana, porém cada ecorregião apresentou uma dominância diferente de filo.

Yang et. al., (2021) estudaram a comunidade microbiana em solos de cultivo de hortaliça orgânica, hortaliça convencional e pastagem e observaram que o sistema de cultivo exerceu efeito significativo sobre a abundância de nematoides, sendo a pastagem a que apresentou maior abundância, seguida pelo cultivo de hortaliça orgânico e convencional. O cultivo de hortaliças reduziu a abundância de nematoides predadores em relação a pastagem, a produção convencional de hortaliças reduziu a abundância de herbívoros, bacterívoros e fungívoros em comparação com pastagens e produção orgânica de hortaliças. A abundância de onívoros foi maior em campos manejados organicamente em comparação com campos manejados convencionalmente.

Fenster, et al., (2021) compararam pomares de amêndoa regenerativos e convencionais estabelecidos e bem-sucedidos. Os solos em pomares regenerativos continham maior biomassa microbiana total, biomassa bacteriana total, biomassa Gram (+) e biomassa de *Actinobactéria*.

Iman et. al., (2021) ao avaliarem a produção de batata em três locais diferentes e diferentes épocas de amostragem durante o cultivo e puderam constatar que a localização geográfica e tempo de amostragem determinam a abundância da comunidade microbiana de cultivares de batata. Os principais gêneros de bactérias encontrados foram *Arthrobacter*, *Pseudomonas*, *Sphingomonas*, *Streptomyces* e *Rhizobium* e principais gêneros de fungos *Cryptococcus*, *Mortierella* e *Alternaria*.

Susanti et. al., (2021) avaliaram a serapilheira de floresta nativa, plantações de dendezeiro e seringueiras Das 54 espécies identificadas, *Folsomides centralis*, *Isotomiella* spp. e *Pseudosinella* sp.1 foram as mais abundantes, onde *sotomiella* spp. e *Pseudosinella* sp.1 foram as espécies dominantes na floresta tropical, *Ascocyrtus cinctus* foi dominante nos seringais e *Rambutsinella* cf. *scopae* foi dominante nas plantações de dendezeiros.

Vargas Hoyos et. al., (2021) ao avaliarem a comunidade bacteriana de trigo isolaram a cepa 3AS4, que foi identificada como pertencente ao gênero *Streptomyces* e apresentou capacidade de mobilização de fósforo, mineralizando aproximadamente 410 $\mu\text{g ml}^{-1}$ de fitato, 300 $\mu\text{g ml}^{-1}$ de fosfato de cálcio e 200 $\mu\text{g ml}^{-1}$ de fosfato de rocha. Esta cepa foi testada no cultivo da soja e demonstrou que tem eficiência na promoção de crescimento e produção da soja.

A mudança no uso da terra pode afetar fortemente a vegetação, as propriedades físico-químicas do solo e as comunidades bacterianas do solo, esta comunidade é essencial para alguns ciclos biogeoquímicos dos ecossistemas terrestres, pois devolvem nutrientes e matéria orgânica ao solo, realizando atividades metabólicas fundamentais para os processos de decomposição. Outros fatores importantes são a abundância, a composição e a atividade da comunidade bacteriana pois podem

ser fundamentais na melhoria das propriedades do solo e aumentar o estabelecimento das plantas após a mudança no uso da terra. Conhecer essa relação entre as bactérias presentes no solo e a cultura implantada no solo durante a conversão de terras nativas em agrícolas é essencial para aumentar o sucesso e a relação custo-benefício da produção ou na conversão de terras agrícolas em terras nativas no sucesso da revegetação (Waymouth et. al., 2021).

4. Considerações Finais

Dentre as principais *commodities* a cultura do milho foi a de maior interesse em publicações seguida pela pastagem, a falta de conhecimento sobre a comunidade microbiana de solos agrícolas é evidente e a biodiversidade desses solos devem ser estudadas nas principais culturas comerciais para que se possa aproveitar os benefícios proporcionados pelos microrganismos presentes nos solos agrícolas.

Bactéria foi o grupo com maior estudo nos artigos publicados quanto à comunidade de microrganismos dos solos agrícolas, fato que chama a atenção pois os fungos micorrizicos são responsáveis por funções ecossistêmicas essenciais como a disponibilização dos nutrientes presentes nos solos para as plantas em uma proporção maior que bactérias. Demonstrando a necessidade de estudos sobre essa comunidade de microrganismos.

Culturas agrícolas quando cultivadas em consórcio com outras culturas ou em rotação proporcionam maior diversidade e abundância de microrganismos no solo, enriquecendo assim seu ecossistema através da diversidade de espécies vegetais presentes na ocupação do solo. Quanto maior a intervenção do homem no manejo do solo menor sua diversidade devido a perturbação ocorrida no ambiente, deixando o solo pobre em diversidade de microrganismos que são essenciais nos processos ecossistêmicos.

Sugere-se novas pesquisas sobre a comunidade microbiana do solo para que se tenha uma maior compreensão sobre a interação destes microrganismos com o solo e com as culturas implantadas, principalmente em relação ao tempo de cultivo na área estudada.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT).

Referências

- Angrainy, E. D., Syarifain, R. I., Hidayat, A., Solihatin, E., Suherman, C., Fitriatin, B. N., & Simarmata, T. (2020). Shifting of microbial biodiversity and soil health in rhizomicrobiome of natural forest and agricultural soil. *Open Agriculture*, 5: 936–942. <https://doi.org/10.1515/opag-2020-0090>
- Cappelli, S. L., Domeignoz-Horta, L. A., Loaiza, V., & Laine, A. L. (2022). Plant biodiversity promotes sustainable agriculture directly and via belowground effects *Trends in Plant Science*, 27 (7) 677. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2022.02.003>
- Changey, F., Nunan, N., Herrmann, A. M., & Lerch, T. Z. (2022). Catching change in microbial diversity indicators under different soil organic matter managements: Higher taxonomic resolution, better discrimination? *Ecological Indicators* 139. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.108897>.
- Correia, A. M. R., & Mesquita, A. (2014.). *Mestrados e Doutoramentos*. Vida Econômica Editorial, (2a ed.) 328 p.
- Cornell, C. R., Zhang, Y., Nind, D., Wu, L., Wagle, P., Steiner, J. L., Xiao, X., & Zhou, J. (2022). Temporal Dynamics of Bacterial Communities along a Gradient of Disturbance in a U.S. Southern Plains Agroecosystem. *ASM Journal, mBio*, 13 (3). <https://doi.org/10.1128/mbio.03829-21>
- Costa, P. B., Benucci, G. M. N., Chou, M.-Y., Wyk, J. V., Chretien, M., & Bonito, G. (2022). Soil Origin and Plant Genotype Modulate Switchgrass Aboveground Productivity and Root Microbiome Assembly. *ASM Journals, mBio*, 13(2). <https://doi.org/10.1128/mbio.00079-22>.
- Duff, A. M., Forrestal, P., Ikoyi, I., & Brennan, F. (2022). Assessing the long-term impact of urease and nitrification inhibitor use on microbial community composition, diversity and function in grassland soil. *Soil Biology and Biochemistry*. 170. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2022.108709>
- Fenster T. L. D, Oikawa P. Y., & Lundgren, J.G. (2021) Regenerative Almond Production Systems Improve Soil Health, Biodiversity, and Profit. *Front. Sustain. Food Syst.* 5:664359. doi: 10.3389/fsufs.2021.664359

- Gillingham, M. D., Gomes, R. L., Ferrari, R., & West, H. M. (2022). Sorption, separation and recycling of ammonium in agricultural soils: A viable application for magnetic biochar? *Science of the Total Environment*, 812. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.151440>
- Gobbi, A., Acedo, A., Iman, N., Santini, R., Ortiz, R. A., Ellegaard-Jensen, L., Belda, I., & Hansen, L. (2022). A global microbiome survey of vineyard soils highlights the microbial dimension of viticultural terroirs. *Communications Biology*, 5, 241. <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03202-5>.
- Imam, N., Belda I., García-Jiménez, B., Duehl A. J., Doroghazi, J. R., Almonacid, D. E., Thomas, V. P., & Acedo, A. (2021). Local network properties of soil and rhizosphere microbial communities in potato plantations treated with a biological product are important predictors of crop yield. *mSphere* 6. <https://doi.org/10.1128/mSphere.00130-21>.
- Khan, A., Jiang, H., Bu, J., Adnan, M., Gillani, S. W., & Zhang, M. (2022). An insight to rhizosphere bacterial community composition and structure of consecutive winter-initiated sugarcane ratoon crop in Southern China. *BMC Plant Biol* 22, 74. <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03463-6>
- Kim, H., Park, Y.-H., Yang, J.E., Kim, H.-S., Kim, S.-C., Oh, E.-J., Moon, J., Cho, W., Shin, W., & Yu, C. (2022). Analysis of Major Bacteria and Diversity of Surface Soil to Discover Biomarkers Related to Soil Health. *Toxics*, 10, 117. <https://doi.org/10.3390/toxics10030117>
- Lopes, L. S., Mendes, L.W., Antunes, J. E. L., Oliveira, L. M. S., Melo, V. M. M., Pereira, A. P. A., Costa, A., F. Oliveira, J. P., Martínez, C. R., Figueiredo, M. V. B., & Araújo, A. S. F. (2021). Estrutura e composição de comunidades bacterianas distintas em diferentes ecorregiões produtoras de feijão-caupi no Nordeste do Brasil. *Sci Rep* 11, 831. <https://doi-org.ez181.periodicos.capes.gov.br/10.1038/s41598-020-80840-x>
- Mao, T., & Jiang, X. (2021). Changes in microbial community and enzyme activity in soil under continuous pepper cropping in response to *Trichoderma hamatum* MHT1134 application *Scientific Reports*, 11:21585. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-00951-x>
- Navarro-Noya, Y. E., Chávez-Romero, Y., Lorenzana, A. S. L., Govaersts, B., Verhulst, N., & Dendooven, L. (2022). Bacterial Communities in the Rhizosphere at Different Growth Stages of Maize Cultivated in Soil Under Conventional and Conservation *Agricultural Practices*. 10 (2). <https://doi.org/10.1128/spectrum.01834-21>
- Susanti, W. I., Bartels, T., Krashevskaya, V., Widyastuti, R., Deharveng, L., Scheu, S., & Potapov, A. (2021). A conversão da floresta tropical em plantações de dendzeiros e seringueiras afeta a composição funcional da serapilheira e do solo Collembola. *Ecologia e Evolução*, 11, 10686–10708. <https://doi-org.ez181.periodicos.capes.gov.br/10.1002/ece3.7881>
- Vargas Hoyos H. A., Chiaramonte J. B., Barbosa-Casteliani A. G., Fernandez Morais J., Perez-Jaramillo J. E., Nobre Santos S., Nascimento Queiroz S. C. & Soares Melo I. (2021) An Actinobacterium Strain From Soil of Cerrado Promotes Phosphorus Solubilization and Plant Growth in Soybean Plants. *Front. Bioeng. Biotechnol.* 9:579906. [10.3389/fbioe.2021.579906](https://doi.org/10.3389/fbioe.2021.579906)
- Wang, F., Cui, H., He, F., Liu, Q., Zhu, Q., Wang, W., Liao, H., Yao, D., Cao, W., & Lu, P. (2022). The Green Manure (*Astragalus sinicus* L.) Improved Rice Yield and Quality and Changed Soil Microbial Communities of Rice in the Karst Mountains Area. *Agronomy*, 12, 1851. <https://doi.org/10.3390/agronomy12081851>
- Waymouth, V., Miller, R. E., Kasel, S., Ede, F., Bissett, A., & Aponte, C. (2021). Soil Bacterial Community Responds to Land-Use Change in Riparian Ecosystems. *Forests*, 12, 157. <https://doi.org/10.3390/f12020157>
- Wolińska, A., Górnica, D., Zielenkiewicz, U., Goryluk-Salmonowicz, A., Kuźniar, A., Stępniewska, Z., & Błaszczak, M. (2017). Microbial biodiversity in arable soils is affected by agricultural practices. *Int. Agrophys.*, 31, 259-271. [10.1515/intag-2016-0040](https://doi.org/10.1515/intag-2016-0040)
- Wolińska, A., Kruczyńska, A., Podlewski, J., Słomczewski, A., Grządziel, J., Gałazka, A., & Kuźniar, A. (2022). Does the Use of an Intercropping Mixture Really Improve the Biology of Monocultural Soils? A Search for Bacterial Indicators of Sensitivity and Resistance to Long-Term Maize Monoculture. *Agronomy*, 12, 613. <https://doi.org/10.3390/agronomy12030613>
- Yang, B., Banerjee, S., Herzog, C., Ramirez, A. C., Dahlin, P., & Heijden, G. A. V. (2021). Impact of land use type and organic farming on the abundance, diversity, community composition and functional properties of soil nematode communities in vegetable farming. *Agriculture, Ecosystems and Environment* 318. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2021.107488>
- Zhao, Y., Yan, C., Hu, F., Luo, Z., Zhang, S., Xiao, M., Chen, Z., & Fan, H. (2022) Intercropping Pinto Peanut in Litchi Orchard Effectively Improved Soil Available Potassium Content, Optimized Soil Bacterial Community Structure, and Advanced Bacterial Community Diversity. *Front. Microbiol.* 13:868312. [10.3389/fmicb.2022.868312](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.868312)