



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
INSTITUTO DE CIÊNCIAS DO MAR - LABOMAR
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS MARINHAS TROPICAIS

AMALIA KESSIA NOBRE MAIA

**DIVERSIDADE TAXONÔMICA DAS ASSEMBLEIAS FÚNGICAS ASSOCIADAS ÀS
RAÍZES DE PLANTAS DE MANGUE**

FORTALEZA

2024

AMALIA KESSIA NOBRE MAIA

DIVERSIDADE TAXONÔMICA DAS ASSEMBLEIAS FÚNGICAS ASSOCIADAS ÀS
RAÍZES DE PLANTAS DE MANGUE

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Marinhas Tropicais da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título Mestra em Ciências Marinhas Tropicais. Área de concentração: Ciência, Tecnologia e Gestão Costeira e Oceânica.

Orientadora: Profa. Dra. Tallita Cruz Lopes Tavares Normando.

FORTALEZA

2024

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- M184 Maia, Amalia Kessia Nobre.
DIVERSIDADE TAXONÔMICA DAS ASSEMBLEIAS FÚNGICAS ASSOCIADAS ÀS RAÍZES DE
RHIZOPHORA MANGLE / Amalia Kessia Nobre Maia. – 2024.
142 f. : il. color.
- Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Instituto de Ciências do Mar, Programa de Pós-Graduação em Ciências Marinhas Tropicais, Fortaleza, 2024.
Orientação: Profª. Dra. Tallita Cruz Lopes Tavares Normando.
1. Ecologia Microbiana. 2. Sequenciamento ITS. 3. Micobioma. I. Título.
- CDD 551.46
-

AMALIA KESSIA NOBRE MAIA

DIVERSIDADE TAXONÔMICA DAS ASSEMBLEIAS FÚNGICAS ASSOCIADAS ÀS
RAÍZES DE PLANTAS DE MANGUE

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Marinhas Tropicais da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título Mestra em Ciências Marinhas Tropicais. Área de concentração: Ciência, Tecnologia e Gestão Costeira e Oceânica.

Aprovada em: 27/06/24.

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Tallita Lopes Cruz Tavares Normando (Orientadora)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Profa. Dra. Denise Cavalcante Hissa
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Tommaso Giarrizzo
Universidade Federal do Ceará (UFC)

A Deus.

A minha família.

À memória de Simone Lima e Jason Moraes.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus e a Nossa Senhora, por me conceder muita força, coragem e paciência ao longo da minha caminhada na Pós-Graduação. À minha mãe Lucineide Nobre, por ter me proporcionado a melhor educação que pôde. À minha avó Francisca Batista (D. Nenzinha), por tudo que fez por mim ao longo da vida. À minha sogra Simone Lima (*In Memoriam*), por ter me acolhido como filha e me ajudado em todos os momentos. Às minhas irmãs Amanda Maia e Aritha Maia, por me ajudarem em tudo para que eu pudesse estudar. Ao meu amigo e cunhado Jason Moraes (*In Memoriam*), sua trajetória de vida foi uma inspiração para mim.

Ao meu amado Igor Lima, por toda ajuda nas coletas e nas imagens. Por tudo que vivemos juntos ao longo desses anos, por sempre me apoiar, me encorajar e por acreditar que eu sou capaz de realizar tudo o que eu quiser.

À minha orientadora Tallita Tavares, por me confiar esse trabalho tão incrível. Por toda ajuda, escuta e compreensão. Muito obrigada por tudo que me ensinou e me proporcionou nesse período. À banca examinadora, Denise Hissa e Tommaso Giarrizzo, por todas as contribuições para a melhoria deste trabalho. Ao professor Alexander Ferreira, pelas contribuições na qualificação deste trabalho e nas coletas. Ao professor Arthur Prudêncio pelas contribuições na qualificação deste trabalho.

A todos do Laboratório de Zoobentos, em especial a professora Cristina Rocha e Wilson Franklin, pela ajuda nas análises físicas. Ao Gledson Gastão e Jaqueline Mesquita do Laboratório de Oceanografia Geológica, pela ajuda nas análises físicas. Ao Rafael Rocha e a Graça Coelho do Centro de Diagnóstico de Enfermidades de Organismos Aquáticos, pela ajuda nas análises físicas e biológicas. Ao professor Gabriel Nuto do Laboratório de Química do Solo, pela ajuda nas análises químicas. A todos do Laboratório de Ecologia Microbiana e Biotecnologia, em especial a professora Vânia Melo e Mirella Pereira, pela ajuda nas análises biológicas. À professora Andréa Oliveira e Maisa Holanda do Centro de Genômica e Bioinformática, pela ajuda no sequenciamento das amostras.

Aos estagiários Gabriela Guimarães e Miguel Vieira, por toda ajuda e aprendizado que tivemos nesse período. A todos do Laboratório de Plâncton, vocês foram essenciais na minha vida pela escuta, amizade e companheirismo. Agradecimento especial à Tatiane Garcia, por todas as conversas, conselhos e acolhimentos. À Mayra Csapo pela amizade e ajuda nas coletas. Ao Pedro Arruda pela amizade e conselhos. À minha querida amiga Letícia Monteiro, por toda ajuda nas coletas, pela paciência e amizade. A todos do Instituto de

Ciências do Mar (LABOMAR) que contribuíram direta ou indiretamente para que esse trabalho pudesse ser realizado.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Ciências Marinhas Tropicais, minha admiração e agradecimento por todo conhecimento que me proporcionaram. Agradecimento especial à professora Juliana Melo pela ótima experiência de estágio à docência.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, pelo apoio financeiro com a manutenção da bolsa de auxílio. Ao PELD CSB – Programa Ecológico de Longa Duração da Costa Semiárida do Brasil- pelo financiamento deste trabalho (No. 442337/2020-5 -CNPq/PEL-00177-0005.01.00/21-FUNCAP).

“No manguezal tudo é importante; até mesmo
o que não se vê”.

Amalia Maia

RESUMO

Manguezais são ecossistemas costeiros localizados em regiões tropicais e subtropicais de todo o mundo. São áreas com grande relevância ecológica, econômica e social; pois devido a sua elevada produtividade primária, atuam no fornecimento de diversos serviços ecossistêmicos, indispensáveis para a sustentação humana e de ambientes costeiros e marinhos. Além disso, são considerados sumidouros de carbono azul, os tornando uma das principais estratégias baseadas na natureza para mitigar os efeitos das mudanças climáticas. Boa parte das funções que possibilitam a existência de diversos serviços ecossistêmicos nos manguezais são mediadas por microrganismos, como a reciclagem de nutrientes e a mediação dos ciclos biogeoquímicos. Apesar de sua importância, os componentes fúngicos dos manguezais ainda são pouco explorados. Dessa forma, o objetivo central deste trabalho é descrever a estrutura e a diversidade taxonômica presente nas comunidades fúngicas associadas às raízes de plantas de mangue, em três áreas distintas de um manguezal do estado do Ceará, utilizando métodos independentes de cultivo. A coleta de dados ocorreu em três áreas do manguezal do Rio Pacoti (CE) (sítio PELD Costa Semiárida do Brasil) com diferentes distâncias da foz e em três diferentes períodos (período chuvoso, transição e período seco) do ano de 2022. Foram coletados solo e raízes de *Rhizophora mangle* para realização de análises físicas e químicas e sequenciamento de DNA. A salinidade variou entre 1 e 40 e a temperatura variou de 25,4 - 30,9 °C. O solo foi classificado como areia fina/muito fina. O teor de matéria orgânica variou de 16 a 180 g/Kg. O pH variou de 5,1 - 7,72. O teor de umidade foi de 22 - 75%. O teor de piritização variou de 5 - 77%. Foram encontrados 13 filos fúngicos, 44 classes, 116 ordens, 261 famílias e 423 gêneros. Ascomycota (principalmente os Eurotiomycetes, Sordariomycetes e Dothideomycetes), um grupo de fungos não classificados, Basidiomycota e Chytridiomycota foram mais diversos no microbioma fúngico. A diversidade e composição de fungos foram semelhantes no solo e rizosfera, e a endosfera apresentou distinção. Nas áreas 1 e 3, as assembleias fúngicas foram influenciadas pela quantidade de matéria orgânica, teor de umidade, silte-argila, fósforo, ferro pirítico e teor de piritização, e a área 2 foi associada com salinidade e quantidade de areia. Observamos uma tendência da composição fúngica ser mais conservada tanto no período chuvoso quanto no seco, e mais variável na transição entre esses dois períodos. Nossos resultados indicam que as variações sazonais no ambiente podem desempenhar um papel crucial nas interações ecológicas entre as espécies fúngicas, resultando em mudanças na composição da comunidade ao longo do tempo. Este trabalho foi financiado pelo Programa de Pesquisa Ecológica de Longa Duração Costa Semiárida do Brasil (PELD CSB) (No. 442337/2020-5 -CNPq/PEL-00177-0005.01.00/21-FUNCAP), com bolsa de mestrado oferecida pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Palavras - chave: Ecologia Microbiana; Sequenciamento ITS; Micobioma.

ABSTRACT

Mangroves are coastal ecosystems located in tropical and subtropical regions around the world. These are areas with great ecological, economic and social relevance; because due to their high primary productivity, they provide various ecosystem services, essential for human support and coastal and marine environments. Furthermore, they are considered blue carbon sinks, making them one of the main nature-based strategies to mitigate the effects of climate change. Most of the functions that enable the existence of various ecosystem services in mangroves are mediated by microorganisms, such as nutrient recycling and mediation of biogeochemical cycles. Despite their importance, fungal components of mangroves are still little explored. Thus, the central objective of this work is to describe the structure and taxonomic diversity present in fungal communities associated with the roots of mangrove plants, in three different areas of a mangrove forest in the state of Ceará, using independent cultivation methods. Data collection took place in three areas of the mangrove of Pacoti River (CE) (PELD site Costa Semiárida do Brasil) with different distances from the mouth and in three different periods (rainy season, transition and dry period) of the year 2022. Soil and roots of *Rhizophora mangle* were collected to carry out analyzes physics and chemistry and DNA sequencing. The salinity varied between 1 and 40 and the temperature varied from 24.8 - 30.9 °C. The soil was classified as fine/very fine sand. The organic matter content varied from 16 to 180 g/kg. The pH ranged from 5.1 – 7.72. The moisture content was 22 – 75%. The pyritization content varied from 5 – 77%. 13 fungal phyla, 44 classes were found, 116 orders, 261 families and 423 genera. Ascomycota (mainly Eurotiomycetes, Sordariomycetes and Dothideomycetes), a group of unclassified fungi, Basidiomycota and Chytridiomycota were most diverse in the fungal microbiome. The diversity and composition of fungi were similar in the soil and rhizosphere, and the endosphere showed distinction. In areas 1 and 3, fungal assemblages were influenced by the amount of organic matter, moisture content, silt-clay, phosphorus, pyritic iron and pyritization content, and area 2 was associated with salinity and sand quantity. We observed a tendency for the fungal composition to be more conserved in both the rainy and dry seasons, and more variable in the transition between these two periods. Our results indicate that seasonal variations in the environment may play a crucial role in ecological interactions between fungal species, resulting in changes in community composition over time. This work was funded by the Brazilian Semiarid Coast Long-Term Ecological Research Program (PELD CSB) (No. 442337/2020-5 -CNPq/PEL-00177-0005.01.00/21-FUNCAP), with a master's scholarship offered by the Coordination for the Improvement of Higher Education Personnel- Brazil (CAPES) - Financing Code 001.

Keywords: Microbial Ecology; ITS sequencing, Mycobiome.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Distribuição global de manguezais e número de espécies encontradas em cada região	28
Figura 2 – Ciclo do carbono azul costeiro e o papel do manguezal na remoção de CO ₂ atmosférico	32
Figura 3 – Ciclo do carbono azul costeiro e o papel do manguezal na remoção de CO ₂ atmosférico	38
Figura 4 – Relações interdependentes entre solo, plantas e microrganismos nos manguezais.....	42
Figura 5 – Representação esquemática da região do espaçador transcrito interno (ITS) entre 18S rDNA e 28S rDNA, que inclui ITS 1, ITS 2 e 5.8S rDNA	48
Figura 6 – Áreas de coletas integrantes do Projeto PELD CSB onde foram realizadas as amostragens para análise da comunidade fúngica.	49
Figura 7 – Desenho amostral da pesquisa apresentando os transectos (T1, T2, T3), as parcelas de cada transecto (P1, P2, P3) e as réplicas amostradas em cada uma das parcelas (R1 e R2)	50
Figura 8 – Fluxograma do processamento das amostras para as análises moleculares	54
Figura 9 – Temperatura do ar durante o período de estudo. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE). Transectos: T1 -Transecto 1, T2 - Transecto 2; T3 - Transecto 3. Parcelas: P1 - Parcela 1; P2 - Parcela 2; P3 - Parcela 3	59
Figura 10 – Valores médios de salinidade medidos durante o período de estudo. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE). C = período chuvoso; T = transição entre períodos chuvoso e seco; e S = período seco	60
Figura 11 – Teor de umidade no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	68
Figura 12 – Fe reativo (µmol/g) no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de	69

estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	
Figura 13 – Fe reativo ($\mu\text{mol/g}$) no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	70
Figura 14 – Teor de piritização (DOP) (%) no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	70
Figura 15 – Aporte de fósforo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	71
Figura 16 – Análise de correlação de Pearson (r)	72
Figura 17 – Análise de Componentes Principais (PCA) dos fatores ambientais significativamente relacionados para caracterização das áreas de estudo. A1 - Cofeco; A2 - CEAC; A3 - River Park	73
Figura 18 – Box plots mostrando a riqueza (riqueza observada e Chao1) e diversidade alfa (índices de Shannon e Simpson) de comunidades fúngicas associadas à endosfera, rizosfera e solo	75
Figura 19 – Distribuição de filotipos com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	76
Figura 20 – Distribuição de filotipos com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nos períodos chuvoso, seco e transição. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	77
Figura 21 – Distribuição de filotipos com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nas áreas 1, 2 e 3. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	78

Figura 22 – Distribuição de classes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	79
Figura 23 – Distribuição de classes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	80
Figura 24 – Distribuição de classes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	81
Figura 25 – Distribuição de ordens dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco. As ordens com menos de 30% de abundância relativa foram excluídas para melhorar a visualização	82
Figura 26 – Distribuição de ordens dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco. As ordens com abundâncias relativas menores que 30% foram reunidas como “Others”	83
Figura 27 – Distribuição de ordens dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nas áreas 1, 2 e 3. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco. As ordens com abundâncias relativas menores que 30% foram reunidas como “Others”	84
Figura 28 – Distribuição de famílias dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S =	85

seco	
Figura 29 – Distribuição de famílias dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	86
Figura 30 – Distribuição de famílias dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nas áreas 1, 2 e 3. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	87
Figura 31 – Distribuição de gêneros dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco	88
Figura 32 – Gráfico de escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) de comunidades fúngicas nos compartimentos endosfera, rizosfera e solo. A: áreas de estudo (A1 – Cofeco, A2- Ceac e A3 – River Park). B: períodos chuvoso, seco e transição	90
Figura 33 – Diagrama de Venn dos gêneros fúngicos nos compartimentos endosfera (cor verde), rizosfera (marrom escuro) e solo (marrom claro)	91

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 – Pluviosidade Anual do município de Aquiraz (1976-2022) de acordo com os dados medidos para a Estação 11, da Funceme	52
Gráfico 2 – Pluviosidade Anual do município de Aquiraz do ano de 2022 x Média Histórica de chuva entre os anos de 1976 a 2021 de acordo com os dados medidos para a Estação 11, da Funceme	53

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Os 10 países do mundo com maiores extensões de manguezal	28
Tabela 2 – Lista de espécies de manguezais registradas no Brasil	29
Tabela 3 – Diversidade bacteriana e fúngica de diferentes manguezais	44
Tabela 4 – Sequências de oligonucleotídeos para primers que foram utilizados neste estudo	57
Tabela 5 – Valores médios de pH das áreas de estudo nos diferentes períodos de amostragem. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE); T1 – transecto 1; T3 – transecto 3; P1 – parcela 1; P3 – parcela 3	61
Tabela 6 – Classificação granulométrica das áreas de estudo. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	62
Tabela 7 – Valores médios de matéria orgânica obtidos durante o período chuvoso. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	63
Tabela 8 – Valores médios de matéria orgânica obtidos durante o período de transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	65
Tabela 9 – Valores médios de matéria orgânica obtidos durante o período seco. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)	66

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

APP	Áreas de Preservação Permanente
CEAC	Centro de Estudos Ambientais Costeiros
CH ₄	Gás Metano
CO ₂	Dióxido de Carbono
FUNCEME	Fundação Cearense de Meteorologia e Recursos Hídricos
GEE	Gases do Efeito Estufa
HPAS	Hidrocarbonetos Policíclicos Aromáticos
ITS	Espaço Interno Transcrito
N ₂	Gás Nitrogênio
NMDS	Escalonamento Multidimensional Não-Métrico
ODS	Objetivos do Desenvolvimento Sustentável
ONG	Organização Não-Governamental
PB	Pares de base
PCA	Análise de Componentes Principais
PCR	Reações da Polimerase em Cadeia
PELD CSB	Projeto Ecológico de Longa Duração da Costa Semiárida do Nordeste
RMF	Região Metropolitana de Fortaleza
UV	Ultravioleta

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	20
2	JUSTIFICATIVA	23
3	HIPÓTESE	25
4	OBJETIVOS	26
4.1	Objetivo Geral	26
4.2	Objetivos Específicos	26
5	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	27
5.1	Manguezais: características e importância	27
5.2	Manguezais: sumidouros de carbono azul	31
5.3	Conservação e Restauração de Manguezais	33
5.4	Potencial Biotecnológico nos Manguezais	36
5.5	Relação entre microrganismos, solo e plantas nos manguezais	39
5.6	Composição microbiana em manguezais	42
<i>5.6.1</i>	<i>Composição fúngica em manguezais</i>	45
5.7	Métodos de estudo de microrganismos	46
6	MATERIAIS E MÉTODOS	49
6.1	Áreas de Estudo e Desenho Amostral	49
6.2	Coleta de Amostras	50
6.3	Análises físicas e químicas	51
<i>6.3.1</i>	<i>Pluviosidade</i>	52
6.4	Processamento das amostras para extração do DNA	53
<i>6.4.1</i>	<i>Obtenção da Rizosfera</i>	54
<i>6.4.2</i>	<i>Obtenção da Endosfera</i>	55
6.5	Extração e Amplificação de DNA	55
6.6	Amplificação e construção da biblioteca de amplicons	56
6.7	Sequenciamento de fase sólida na plataforma Illumina HiSeq	57
6.8	Análise de dados	58
7	RESULTADOS	59
7.1	Caracterização dos fatores abióticos	59
7.2	Caracterização biológica	74
<i>7.2.1</i>	<i>Alfa diversidade</i>	74

7.2.2	<i>Diversidade Filogenética</i>	75
7.2.3	<i>Beta Diversidade</i>	88
8	DISCUSSÃO	93
9	CONSIDERAÇÕES FINAIS	100
10	CONCLUSÃO	101
	REFERÊNCIAS	102
	APÊNDICE	120

1 INTRODUÇÃO

Manguezais são florestas localizadas na zona entremarés ao longo de costas tropicais e subtropicais de todo o mundo. São áreas com notável biodiversidade e alta produtividade. Esses ecossistemas são considerados chave na manutenção do equilíbrio de zonas costeiras ao redor do mundo devido a uma gama de serviços ecológicos fornecidos para a humanidade, como estabilização e proteção da linha de costa, áreas para alimentação e reprodução para diversas espécies, produção de remédios e combustível, material para construção, filtração de poluentes, e elevado potencial para sequestro de carbono, fundamental para a mitigação das mudanças climáticas (ALLARD *et al.*, 2020; GIRI *et al.*, 2011). Boa parte das funções que possibilitam a existência dos serviços ecossistêmicos nos manguezais são mediadas por microrganismos (ALLARD *et al.*, 2020).

Em manguezais, os microrganismos participam de processos que mantêm o funcionamento e o equilíbrio do ecossistema, como por exemplo a ciclagem de nutrientes, a mediação dos ciclos biogeoquímicos, proporcionam benefícios às plantas e ao solo, e realizam a decomposição e a disponibilização de nutrientes (LIN, *et al.*, 2019, ALONGI, 1988, ALONGI; SCHMIDT, 2006; CHRISTOFFERSEN; TIRENDI, 1993; NEDWELL; BLACKBURN; WIEBE, 1994; TIMMY *et al.*, 2017; ALLARD *et al.*, 2020; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013). Além disso, as comunidades microbianas dos manguezais possuem genes tolerantes à elevadas salinidades que proporcionam a produção de compostos com potencial biotecnológico, tais como enzimas, proteínas e antibióticos (PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013).

A elevada salinidade nos manguezais indica que os microrganismos que ali vivem possuem adaptações que permitem tolerar outras condições adversas, como pH e temperaturas extremas, variações nos níveis de oxigênio e desidratação. Essa adaptação contribui para a estabilidade dos microrganismos e de seus metabólitos, tornando-os valiosos para aplicações biotecnológicas, como produção de fármacos, alimentos e biocombustíveis, devido à sua resiliência em ambientes desafiadores (THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013; LAI *et al.*, 2022).

A vegetação presente nesses ecossistemas é popularmente conhecida como mangue, e é composta por três grupos: mangues verdadeiros, elementos secundários de manguezal e elementos associados de mangue. No Brasil, há o predomínio de três gêneros (*Rhizophora* L., *Avicennia* L., e *Laguncularia* Gaertn.) que se dividem em 5 espécies (*Rhizophora mangle*, *Rhizophora racemosa*, *Avicennia germinans*, *Avicennia schaueriana* e

Laguncularia racemosa) (TOMLINSON, 1986). Em algumas áreas também é possível encontrar a espécie associada ao manguezal *Conocarpus erectus* (HERZ, 1991). Vale destacar que *Rhizophora* é o gênero mais amplamente distribuído no Brasil e no mundo (LO; DUKE; SUN, 2014). No contexto brasileiro, essas espécies desempenham um papel crucial na proteção das áreas costeiras contra erosão, na manutenção da biodiversidade marinha e terrestre e na oferta de recursos essenciais para comunidades locais.

Os recentes avanços científicos decorrentes da evolução das técnicas moleculares e da bioinformática representam novas possibilidades de uso dessas ferramentas para explorar a diversidade microbiana nos ecossistemas dos manguezais. Assim, espera-se melhorar a compreensão de como se dá o funcionamento do ecossistema e as inter-relações existentes entre microrganismos e os manguezais (THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013; ALLARD *et al.*, 2020).

Embora já existam vários estudos com fins ecológicos nos manguezais, até o momento ainda não foi realizado um levantamento global sobre os microrganismos presentes em seus diferentes compartimentos (PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022). A maioria das pesquisas realizadas são focadas no solo, com os compartimentos associados às raízes de plantas (rizosfera, endosfera e filosfera) ainda negligenciados. Além disso, esses trabalhos buscam identificar apenas uma parte dos componentes microbianos, com atenção voltada à compreensão da diversidade bacteriana (ALLARD *et al.*, 2020; SIMÕES *et al.*, 2015; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022), com as comunidades fúngicas ainda sendo pouco exploradas (ALLARD *et al.*, 2020; SIMÕES *et al.*, 2015). No entanto, os fungos são considerados elementos fundamentais no solo como decompositores de matéria orgânica e simbiontes de plantas, além de atuarem em processos ecológicos, como os ciclos biogeoquímicos (LIU *et al.*, 2015).

Portanto, compreender a diversidade e a distribuição da microbiota fúngica dos manguezais pode fornecer informações cruciais sobre seu papel no suporte dos serviços ecossistêmicos, na adaptação às mudanças climáticas e nos impactos das perturbações antropogênicas, desde os microrganismos até os seres humanos (PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; ALLARD *et al.*, 2020).

Diante do exposto, o objetivo central deste trabalho é descrever a estrutura e a diversidade taxonômica presente nas comunidades fúngicas associadas às raízes de plantas de mangue, em três áreas distintas de um manguezal do estado do Ceará, utilizando métodos independentes de cultivo. Para isso, foram realizadas coletas durante três períodos do ano de

2022 (estação chuvosa, período de transição entre estação chuvosa e seca, e estação seca) em três áreas do manguezal do Rio Pacoti no estado do Ceará.

Em 2015, a Organização das Nações Unidas (ONU) adotou os Objetivos do Desenvolvimento Sustentável (ODS) como guia para nortear as políticas governamentais e as atividades de cooperação internacional. Os ODS têm como objetivo acabar com as desigualdades sociais, preservar o meio ambiente e o clima, além de garantir que todas as pessoas vivam numa sociedade justa e pacífica. Para isso, foram traçados 17 ODS e 169 metas para alcançar esses objetivos (MMA, 2022). O desenvolvimento deste trabalho pretende contemplar o ODS 14 que se refere a “Vida na água” e o ODS 15 que se refere a “Vida terrestre”.

Este trabalho faz parte do Projeto Ecológico de Longa Duração da Costa Semiárida do Brasil (PELD CSB), cujo objetivo é estudar como as condições semiáridas dos ambientes costeiros influenciam os sistemas socioambientais, buscando compreender como as mudanças climáticas interferem na biota e na dinâmica ambiental ao longo do tempo. A partir da realização desse estudo serão gerados dados científicos, ainda escassos para essa região do Brasil, que subsidiarão estratégias para o combate às mudanças climáticas. O PELD CSB conta com cinco eixos de pesquisa, sendo este trabalho incluso no eixo 2, que trata da Ecologia de populações, comunidades e ecossistemas.

2 JUSTIFICATIVA

Manguezais são ecossistemas costeiros encontrados em regiões tropicais e subtropicais com importância global, sendo um dos ambientes mais diversos e produtivos do mundo. Além de oferecerem diversos benefícios ecossistêmicos importantes para as comunidades, são considerados sumidouros de carbono azul, proporcionando uma estratégia baseada na natureza para a mitigação das mudanças climáticas (ALLARD *et al.*, 2020; GIRI *et al.*, 2011).

Os ecossistemas de mangue são caracterizados por possuírem alto potencial redox, flutuações constantes de salinidade, elevado teor de matéria orgânica e grande poder de ciclagem de nutrientes. Sob tais características, esses ambientes proporcionam o estabelecimento de uma grande diversidade de organismos, dentre os quais destacam-se os microrganismos, que têm participação relevante na sustentação dos serviços ecossistêmicos e para a manutenção e a saúde do ambiente (HOLGIN; GUSMAN; BASHAN, 1992; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; ALLARD *et al.*, 2020).

Nesse sentido, nos últimos anos diversas pesquisas foram desenvolvidas buscando compreender o funcionamento e as características dos manguezais, a importância de sua conservação e restauração, bem como a sua diversidade microbiana, seu papel biotecnológico e, mais recentemente, seu papel como sumidouro de carbono (ALONGI, 1988; ALONGI, 2012; DONATO *et al.*, 2011; DUKE, 2007; ELLISON; FELSON; FRIESS, 2020; FERREIRA e LACERDA, 2016; GIRI *et al.*, 2011; HORI; BAYNE; KUWAE, 2018; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; SADEER; ZENGIN; MAHOMOODALLY, 2022; SCHAEFFER-NOVELLI, 1995; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013). Entretanto, o conhecimento sobre a diversidade taxonômica (isto é, a riqueza e a abundância de espécies presentes em um determinado local) (MORELLI; BENEDETTI; PERNA; SANTOLINI, 2018) presente no mangue pode crescer com um melhor conhecimento dos microrganismos associados aos manguezais, principalmente com relação aos componentes fúngicos.

Embora os manguezais já tenham sido estudados sob diversos aspectos ecológicos, é importante um levantamento global sobre os componentes microbianos, analisando sua diversidade e distribuição. Além disso, no cenário atual das mudanças climáticas, é relevante obter informações sobre como essas alterações estão afetando esses organismos, e como estes estão se adaptando (PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022).

Portanto, é importante compreender qual o papel dos microrganismos nas mudanças que os manguezais estão sofrendo frente às mudanças climáticas. Assim, esse

estudo pretende contribuir no conhecimento sobre os fatores que dirigem a composição e a seleção da microbiota fúngica do manguezal em seus diferentes compartimentos (solo, rizosfera e endosfera) e obter informações que possibilitem melhorar o entendimento sobre o papel desses organismos na resistência das plantas de mangue frente às alterações do clima. Por fim, espera-se obter uma maior compreensão sobre as interações entre microrganismos e plantas de mangue e, assim, ajudar nas estratégias para a manutenção dos serviços ecossistêmicos, para a conservação e a restauração desses ecossistemas diante do aumento das perturbações antropogênicas.

3 HIPÓTESE

Este estudo tem por hipótese que os diferentes compartimentos estudados - solo, rizosfera e endosfera - apresentam divergências em diversidade, com diferenças na riqueza e composição das assembleias fúngicas. Acredita-se que tais assembleias variam espacialmente entre as áreas de amostragem, independentemente do período da coleta (componente temporal), e são influenciadas pelas variações das características físicas e químicas do ambiente, especificamente salinidade e teor de fósforo. Portanto, a composição e a riqueza das assembleias fúngicas estão mais associadas a variações espaciais do que a variações temporais.

Além disso, a partir da comparação entre os microrganismos presentes em diferentes compartimentos, hipotetiza-se que os compartimentos radiculares (endosfera, rizosfera e solo) apresentam riqueza e composição distintos, com a diversidade diminuindo na direção solo-rizosfera-endosfera. Desse modo, o solo serviria como uma fonte de assembleias de microrganismos mais especializadas na direção solo - rizosfera – endosfera, com a planta realizando uma fina seleção dos microrganismos que colonizam a endosfera.

4 OBJETIVOS

4.1 Objetivo Geral

Este trabalho tem como objetivo descrever a estrutura e a diversidade taxonômica presente nas assembleias fúngicas associadas às raízes de plantas de mangue, compreender sua constituição e identificar o papel das variáveis ambientais na distribuição desses organismos utilizando métodos independentes de cultivo.

4.2 Objetivos Específicos

- Analisar as características físicas e químicas dos solos de manguezal em diferentes áreas e diferentes períodos do ano;
- Avaliar se as características físicas e químicas do solo de manguezal variam espacial e temporalmente;
- Caracterizar a riqueza e a composição taxonômica das assembleias fúngicas associadas ao solo assim como à rizosfera e à endosfera de plantas de mangue em diferentes áreas e diferentes períodos do ano;
- Avaliar se a riqueza e a composição taxonômica das assembleias fúngicas associadas ao solo assim como à rizosfera e à endosfera de plantas de mangue variam ao longo do ano e se está relacionada à variação de alguma das características físicas e químicas analisadas;
- Avaliar se a riqueza e a composição taxonômica das assembleias fúngicas associadas ao solo assim como à rizosfera e à endosfera de plantas de mangue variam espacialmente a partir da comparação de diferentes estações de coleta, localizadas em diferentes porções do estuário, e está relacionada à variação de alguma das características físicas e químicas analisadas;
- Comparar a riqueza e composição das assembleias fúngicas entre os compartimentos da endosfera, rizosfera e solo para inferir como ocorre a seleção da assembleia fúngica da endosfera e rizosfera em relação à assembleia fúngica do solo.

5 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

5.1 Manguezais: características e importância

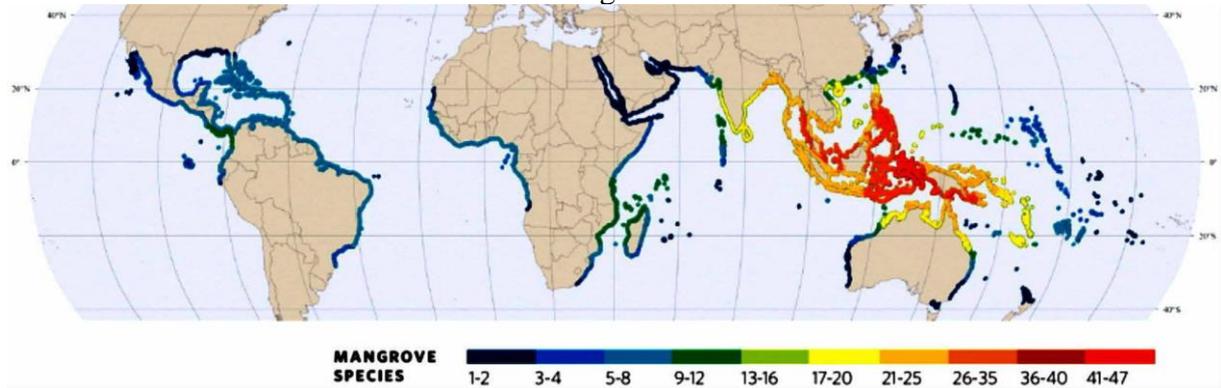
Os manguezais podem ser definidos como áreas pantanosas que sofrem influência da ação das marés, localizadas na interface continente-oceano e tipicamente presentes em regiões tropicais e subtropicais. Encontram-se, preferencialmente, em locais abrigados, como baías, enseadas, foz de rios e reentrâncias costeiras. Estima-se que cerca de um quarto da costa tropical do mundo esteja coberta por manguezais (SCHAEFFER-NOVELLI, 1995; MISHRA; SWAIN; DANGAR; THATOI, 2012).

As florestas de manguezais possuem grande relevância ecológica, econômica e social, devido a sua elevada produtividade primária, pelo fornecimento de diversos serviços ecossistêmicos, indispensáveis para a sustentação humana e de ambientes costeiros e marinhos, e por serem sumidouros de carbono azul, os tornando uma das principais estratégias para mitigar os efeitos das mudanças climáticas (ALONGI, 2014; GIRI *et al.*, 2011; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; ALLARD *et al.*, 2020).

Manguezais atuam como um escudo protegendo a costa de eventos climáticos extremos, como ventos, ondas e erosão do solo (MISHRA; SWAIN; DANGAR; THATOI, 2012). Além disso, este ecossistema faz a ligação entre os ambientes marinhos e terrestres, fornecendo alimento e áreas para reprodução e berçário para diversas espécies, com elevado fluxo de energia e transporte de matéria orgânica entre esses ambientes e fornecendo nutrientes para a cadeia alimentar marinha. Assim, os manguezais são ecossistemas com características únicas e que abrigam uma rica biodiversidade de organismos (GIRI *et al.*, 2011; BARBIER *et al.*, 2011; ALLARD *et al.*, 2020; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022).

A área global estimada dos manguezais atualmente é de 147.359 Km² (GMW, versão 3.0, BUNTING *et al.*, 2022), o que corresponde a 0,7% da área global das florestas tropicais, sendo encontrados em 123 países (SCHAEFFER-NOVELLI, 1995; BUNTING *et al.*, 2018).

Figura 1 - Distribuição global de manguezais e número de espécies encontradas em cada região



Fonte: DELTARES (2014).

O litoral brasileiro abriga florestas de manguezais que vão desde a fronteira com a Guiana Francesa, no Estado do Amapá (4°30'N), até próximo à cidade de Laguna, em Santa Catarina (28°30'S), por cerca de 6.800 Km (BUNTING *et al.*, 2018; SCHAEFFER-NOVELLI; CINTRON-MOLERO; ADAIME; CAMARGO, 1990). Dessa forma, o Brasil possui a segunda maior área com manguezais no mundo, estendendo-se por 11.072 km², o que corresponde a 8,1% da área global (Tabela 1) (BUNTING *et al.*, 2018). Além disso, o Brasil possui a maior área contínua de manguezais no mundo, que vai desde a Baía de São Marcos, no estado do Maranhão, até a foz do Rio Amazonas, no estado do Pará, correspondendo a 4,3% da área total de manguezais no mundo (SPALDING; KAINUMA; COLLINS, 2010).

Tabela 1 - Os 10 países do mundo com maiores extensões de manguezal

País	Extensão (Km ²)	Percentual Global (%)
Indonésia	26.890	19,5
Brasil	11.072	8,1
Austrália	10.060	7,3
México	9.537	6,9
Nigéria	6.958	5,1
Malásia	5.201	3,8
Mianmar	5.011	3,6
Papua Nova Guiné	4.762	3,5
Bangladesh	4.163	3,0
Índia	3.521	3,6

Fonte: Adaptado de BUNTING *et al.*, (2018).

Os variados ambientes existentes no litoral brasileiro, onde encontram-se os manguezais, são responsáveis pelas diferentes características apresentadas pelas florestas de mangue. A diversidade estrutural contida nos manguezais é resultado da combinação de uma série de fatores, como clima, variações oceanográficas, hidrologia, topografia e características do solo, que culminam em um ambiente único (ICMBIO, 2018).

A vegetação dos manguezais é composta por 28 gêneros e 73 espécies, sendo que 17 dessas espécies ocorrem apenas nesses ambientes e são conhecidas como mangue verdadeiro ou mangue obrigatório (SPALDING; KAINUMA; COLLINS, 2010; SEMACE, 2006; WANG *et al.*, 2011). Além disso, deve-se ressaltar as várias espécies vegetais que ocorrem em ambientes adjacentes, tanto terrestres quanto aquáticas, denominadas de mangue de fundo ou mangue associado (WANG *et al.*, 2011).

A baixa diversidade encontrada em manguezais é reflexo das difíceis condições que as plantas têm que enfrentar, como as flutuações de maré, que trazem menos possibilidades de diversificação e dificuldades na obtenção de material genético (SEMACE, 2006). As plantas típicas de manguezal possuem adaptações fisiológicas, morfológicas e reprodutivas para a sobrevivência em ambientes salinos e com substrato inconsolidado (SPALDING; KAINUMA; COLLINS, 2010).

Nos manguezais brasileiros são encontrados apenas três gêneros de plantas de mangue, *Avicennia*, *Laguncularia* e *Rhizophora* (Tabela 2), sendo o último de maior predomínio em grande parte dos manguezais do mundo (BEZERRA, 2015).

Tabela 2 - Lista de espécies de manguezais registradas no Brasil

Família	Espécies	Limites de distribuição
<i>Manguezais Verdadeiros</i>		
Arecaceae	<i>Nypa</i> sp.	Somente em registro fóssil
Avicenniaceae	<i>Avicennia germinans</i> L.	Atafona, 21°37'S
	<i>A. schaueriana</i> Stapf. & Leech.	Laguna, 28°30'
Combretaceae	<i>Conocarpus erectus</i> L.	Cabo Frio, 22°55'S
	<i>Laguncularia racemosa</i> (L.) Gaertn.	Laguna, 28°30'S
Pelliceriaceae	<i>Pelliciera rhizophorae</i> Pl. & Tr.	Somente em registro fóssil
Rhizophoraceae	<i>Rhizophora mangle</i> L.	Praia do Sonho, 27°53'S
	<i>R. racemosa</i> G. Meyer.	Delta do Parnaíba, 2°46'S
	<i>R. harrisonii</i> Leechman.	Delta do Parnaíba, 2°46'S
Malvaceae	<i>Hibiscus pernambucensis</i> Arruda	Juréia, 24°64'S
Pteridaceae	<i>Acrostichum aureum</i> L.	Praia do Sonho, 27°53'S

Fonte: Adaptado de LACERDA *et al.*, (2022).

As florestas de mangue possuem plantas que crescem em substrato inconsolidado e lodoso, resultante da mistura entre areia e lama. Essas espécies vegetais podem possuir

raízes-escora (rizóforos) ou pneumatóforos, além de raízes subterrâneas, que servem para sua sustentação e estabilização (ICMBIO, 2018).

Os manguezais são considerados um dos ecossistemas mais dinâmicos do mundo. Abrigam uma rica biodiversidade, desde microrganismos, como bactérias e fungos, a invertebrados, vertebrados e mamíferos, que estão adaptados a variações de parâmetros físicos e químicos, como flutuações de salinidade, temperatura, períodos de dessecação e inundação, condições de pouco oxigênio disponível no sedimento e um pH ligeiramente ácido (ICMBIO, 2018; SRILATHA; VARADHARAJAN; CHAMUNDEESWARI; MAYAVU, 2013). Esses fatores regulam a diversidade de espécies presentes nos manguezais (SRILATHA; VARADHARAJAN; CHAMUNDEESWARI; MAYAVU, 2013). Além disso, podemos encontrar diversas espécies de organismos que não habitam nos manguezais, mas que se relacionam de forma direta ou indireta com os que ali vivem e são interdependentes dessas áreas (VAN LAVIEREN *et al*, 2012).

Desde meados do século XX, os manguezais vêm sofrendo degradação devido às atividades humanas, como a pesca, a produção de sal, a industrialização, a urbanização e o turismo (LACERDA; BORGES; FERREIRA, 2019). Nas últimas décadas estima-se que a cobertura de manguezais sofreu um declínio de cerca de 8600 Km² com uma taxa anual de 287 Km² (BOWMIK; PADMANABAN; CABRAL; ROMEIRAS, 2022). No século XXI, as consequentes perdas de áreas de manguezais ocorrem principalmente devido ao aquecimento global, a elevação do nível do mar, o crescimento de eventos climáticos extremos e a atividades antrópicas, como a aquicultura. Embora essas ameaças tenham uma distribuição global desigual, a interação com fatores locais e com as características de cada manguezal resultam em impactos ambientais negativos que prejudicam o funcionamento e o equilíbrio desses ambientes (LACERDA; BORGES; FERREIRA, 2019).

Os impactos negativos causados aos manguezais e às populações, que dependem destes para a sua subsistência, vêm gerando respostas da sociedade. Dessa forma, a proteção desses ecossistemas tornou-se objeto de preocupação em diversos países. Com isso, a criação de novas leis e o fortalecimento dos instrumentos legais já existentes em países da América Latina tornaram-se importantes meios para a proteção e conservação desses ecossistemas (LACERDA; BORGES; FERREIRA, 2019; ICMBIO, 2018).

No Brasil, o atual arcabouço legal enquadra os manguezais como Áreas de Preservação Permanente (APP) segundo o Código Florestal brasileiro (Lei federal nº 12.651) (BRASIL, 2012). Contudo, o grau de proteção ao longo do extenso litoral brasileiro varia com

outros instrumentos legais existentes em cada região, podendo atuar em diferentes níveis de proteção desse ecossistema (PELAGE *et al.*, 2019).

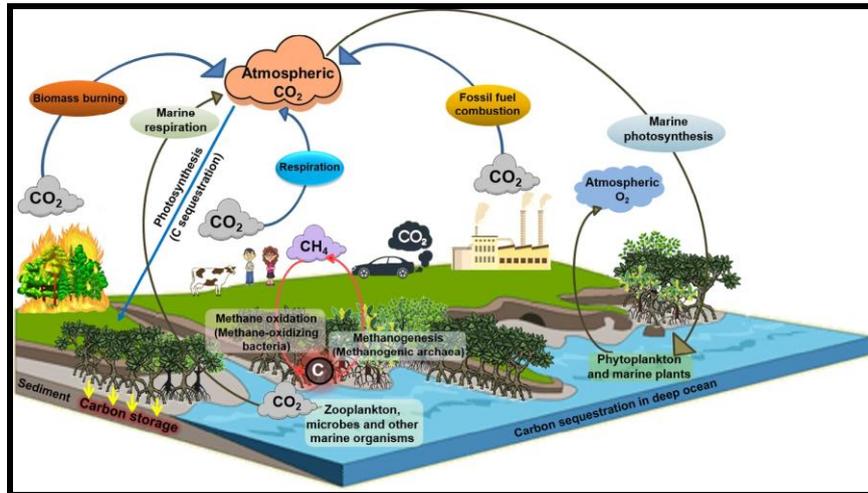
5.2 Manguezais: sumidouros de carbono azul

Os manguezais, assim como outros ecossistemas costeiros, como prados de angiospermas marinhas, são considerados verdadeiros sumidouros de carbono, ou seja, possuem a capacidade de sequestrar e armazenar uma quantidade significativa de carbono em suas raízes e sedimentos. Devido a essa característica são conhecidos como ecossistemas de carbono azul, i.e., carbono capturado e armazenado em ecossistemas costeiros. Tal capacidade de sequestro de carbono é considerada uma das soluções baseadas na natureza mais promissoras para a redução das emissões dos gases do efeito estufa (GEE) e no combate às mudanças climáticas (ALONGI, 2012; 2020; IUCN, 2020).

Estima-se que mais da metade do carbono armazenado nos oceanos é capturado por ecossistemas costeiros (HORI; BAYNE; KUWAE, 2018) e, embora os manguezais ocupem apenas cerca 0,5% das áreas costeiras globais, eles respondem por cerca de 17% do armazenamento do carbono total contido nos sedimentos costeiros. Dessa forma, são os maiores responsáveis por armazenar carbono no mundo, em comparação com qualquer outro ecossistema (ALONGI, 2014; 2020). A capacidade de sequestro de carbono em manguezais é presumidamente 5 vezes maior que em outras florestas tropicais (SPALDING; KAINUMA; COLLINS, 2010; DONATO *et al.*, 2011).

Nos manguezais a obtenção de carbono (ciclo de carbono azul) ocorre principalmente através da fotossíntese (carbono autóctone) realizada pelas espécies vegetais. As macroalgas, que habitam as raízes acima do solo, e as microalgas, localizadas no chão das florestas, também representam uma fonte significativa de entrada de carbono nesses ecossistemas. Além disso, a importação de materiais de locais adjacentes (carbono alóctone), como a água do mar e de rios, também corresponde a outra fonte de entrada de carbono nessas áreas (ALONGI, 2014).

Figura 2 - Ciclo do carbono azul costeiro e o papel do manguezal na remoção de CO₂ atmosférico



Fonte: PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS (2022).

Nas florestas de manguezais, as raízes controlam o fluxo de água e retém o carbono orgânico disperso na coluna d'água. Esse carbono retido acumula-se no sedimento e é degradado de forma lenta, ficando armazenado por várias décadas e até mesmo por séculos (HORI; BAYNE; KUWAE, 2018).

O armazenamento de carbono dos manguezais é favorecido por características como: (1) lentas taxas de degradação, (2) pouca concentração de fósforo e nitrogênio no tecido das espécies vegetais, (3) condições anóxicas no sedimento e (4) elevada concentração de biomassa vegetal enterrada no solo. Além disso, as raízes e as copas das árvores protegem o solo da erosão, permitindo assim o depósito de carbono por longos períodos (HORI; BAYNE; KUWAE, 2018). A combinação de fatores ambientais e climáticos, como amplitude e elevação das marés, geomorfologia, composição das espécies, tamanho do grão do solo, precipitação e temperatura, também favorecem o sequestro de carbono (SANDERS *et al.*, 2016; KUSUMANINGTYAS *et al.*, 2018; ALONGI, 2020).

No entanto, estudos indicam que a capacidade de estoque de carbono está relacionada com o clima (ALONGI, 2020; SANDERS *et al.*, 2016). Sanders *et al.* (2016) afirmam que a precipitação responde em 86% pela variabilidade de estoques de carbono nos manguezais, ou seja, os níveis de precipitação são decisivos para o acúmulo de carbono. Isso corrobora com a estimativa de que as florestas localizadas em trópicos úmidos possuem maiores acúmulos de carbono do que as de trópicos secos e em áreas subtropicais e temperadas quentes (ALONGI, 2020; SANDERS *et al.*, 2016).

A captura e o armazenamento de carbono em manguezais também estão associados à idade da floresta. Florestas mais jovens ou recém plantadas possuem menores

estoques de carbono. Com o passar dos anos, à medida que as raízes crescem, morrem e se acumulam no solo, há o aumento significativo do nível de carbono acumulado. Isso indica que os manguezais com florestas maduras e conservadas melhoram o aprisionamento de carbono (ALONGI, 2020).

Dados divulgados recentemente apontam que os manguezais são capazes de estocar em média 5,85 Pg C globalmente, convertendo dióxido de carbono (CO₂) em carbono orgânico (ALONGI, 2020). A maior parte desse carbono capturado está armazenado abaixo do solo, incluindo as raízes, podendo variar entre 70-90%, a depender do local estudado (ALONGI, 2014; SANDERS *et al.*, 2016; KUSUMANINGTYAS *et al.*, 2018; KAUFFMAN *et al.*, 2018a; MENG *et al.*, 2021).

A manutenção de altos estoques de carbono nos manguezais ajuda a reduzir o carbono atmosférico e minimizar os efeitos das mudanças climáticas, tais como aquecimento global, eventos naturais extremos e aumento do nível do mar. Dessa forma, a degradação e a perda de manguezais, seja pela conversão em áreas para agricultura e aquicultura ou assentamento humano, seja por erosão, por desmatamento ou por eventos climáticos extremos, resultam na diminuição dos estoques de carbono (KUSUMANINGTYAS *et al.*, 2018; ADAME *et al.*, 2021). Além disso, perdas de áreas de manguezais resultam em alterações na química do solo e, como consequência, ocorre a rápida degradação da matéria orgânica estocada e a mesma pode ser convertida em dióxido de carbono (CO₂) e metano (CH₄). Assim, ao invés de manter seu papel de sumidouro de carbono, esses ecossistemas tornam-se emissores de gases de efeito estufa (GEE) (ALONGI, 2014; KUSUMANINGTYAS *et al.*, 2018; CHRISTIANSON *et al.*, 2022), com emissões que podem chegar em média a 1.802,2 Mg ha⁻¹ (ALONGI, 2014).

Portanto, a manutenção e a expansão de manguezais é mais que urgente, é vital para a redução das emissões de GEE e a mitigação de forma eficiente frente às mudanças climáticas. Dessa forma, o desenvolvimento de projetos que visem a interrupção do desmatamento e a restauração de manguezais antropizados são fundamentais para a sobrevivência desses ecossistemas (SANDERS *et al.*, 2016; HOWARD *et al.*, 2017).

5.3 Conservação e Restauração de Manguezais

As florestas de manguezais são ecossistemas tropicais importantes globalmente, com características únicas e que oferecem diversos serviços ecológicos relevantes para as populações costeiras vizinhas (GIRI *et al.*, 2011; BARBIER *et al.*, 2011; ALONGI, 2014;

ALLARD *et al.*, 2020). Assim, esses ambientes são considerados ecossistemas prioritários para iniciativas de conservação. Com isso, vários países buscam protegê-los como estratégia para o cumprimento de leis e de metas estabelecidas em tratados internacionais, como o Acordo de Paris da Convenção-Quadro das Nações Unidas sobre Mudança do Clima (FRIESS *et al.*, 2020).

Entretanto, a conservação de manguezais visando apenas ao cumprimento de leis tem sido considerada historicamente ineficaz, uma vez que a perda dessas áreas tem sido contínua, mesmo com os crescentes esforços de entidades governamentais e organizações não-governamentais (ONGs). A falta de fiscalização e monitoramento adequados são as principais barreiras para a efetividade dessas ações de conservação (LEE *et al.*, 2019).

Nas últimas décadas os manguezais tiveram perdas significativas estimadas em 35-86% de sua área, principalmente em países em desenvolvimento, que detêm cerca de 90% dessas áreas no mundo (DUKE, *et al.*, 2007; FAO, 2007). Essas perdas ocorreram, sobretudo, devido a mudanças no uso da terra, atividades humanas e eventos naturais extremos (GOLDBERG; LAGOMASINO; THOMAS; FATOYINBO, 2020). Além disso, o derramamento de óleo se tornou uma das principais fontes de contaminação dos manguezais, trazendo inúmeros prejuízos à saúde do ecossistema e levando a perda de áreas (SANTOS *et al.*, 2010).

Dados recentes mostram que as perdas de manguezais diminuíram, graças a esforços para sua conservação e restauração. No entanto, entre os anos 1996-2016 foram perdidos mais de 3.000 km², a uma taxa média anual de 0,13-0,21% (WORTHINGTON; SPALDING, 2018; GOLDBERG; LAGOMASINO; THOMAS; FATOYINBO, 2020). Lewis, Brown e Flynn (2019) estimam que para interromper a perda de manguezais em todo o mundo seria necessário reabilitar cerca de 100.000 ha ano⁻¹, além de cessar todas as perdas locais e engendrar ações de grande escala para expansão dessas áreas.

Em geral, as justificativas para a conservação e a restauração de manguezais se fundamentam na recuperação de serviços ecossistêmicos relevantes, como, por exemplo, criação ou expansão de florestas para uso sustentável das populações adjacentes, proteção da costa, amenização da temperatura, melhoria na qualidade da água devido a retenção de nutrientes e metais pesados, manutenção da biodiversidade, entre outros. No entanto, muitos países o fazem por obrigações legais (SANDILYAN; KATHIRESAN, 2012; ELLISON; FELSON; FRIESS, 2020), e mais recentemente como medida de combate às mudanças climáticas, graças à alta capacidade de sequestro de carbono dos manguezais (GIRI *et al.*, 2011; ALONGI, 2012).

A conservação dos manguezais requer estratégias que vão além de seguir as leis governamentais. A promoção da educação é uma das principais ferramentas na proteção desse ecossistema. A sociedade precisa conhecer os benefícios, o funcionamento desses ambientes e a importância dos serviços fornecidos pelos manguezais, assim como compreender as consequências desastrosas da perda dessas áreas (BORGES; FERREIRA; LACERDA, 2017). Nesse sentido, a ciência possui um papel de destaque, pois cabe a ela traduzir o conhecimento e indicar medidas concretas para aumentar a participação popular na proteção dos manguezais (FERREIRA; LACERDA, 2016).

A restauração de manguezais é um processo complexo e que depende de inúmeros fatores para ser bem-sucedida. Um dos pontos de partida para viabilizá-la é analisar há quanto tempo o ecossistema foi danificado. Em geral, áreas com perdas recentes são mais propensas a restauração, desde que o problema que causou os danos possa ser controlado e as condições locais estejam adequadas. Além disso, deve-se levar em consideração as projeções futuras de variáveis como amplitudes de marés, elevação do nível do mar, alterações no fluxo de sedimentos e outras alterações, como tempestades e erosão, devido às mudanças climáticas, a proximidade com áreas de manguezais remanescentes, bem como variáveis que não podem ser modeladas, como fatores sociais, econômicos, políticos e legais (WORTHINGTON; SPALDING, 2018).

Desde os anos 1970, foram desenvolvidos diversos projetos de reflorestamento de florestas de mangue em grande escala, em países como Vietnã, Bangladesh e Emirados Árabes Unidos (VAN *et al.*, 2016; NAM *et al.*, 2016; ALMAHASHEER, 2018; SPALDING; PARRETT, 2019; UDDIN; HOSSAIN; AZIZ; LOVELOCK, 2022). Tais esforços comprovaram a viabilidade da restauração de vastas áreas de manguezais, principalmente com o apoio dos governos e com a escolha de áreas sem alterações do fluxo de marés (LOVELOCK; BARBIER.; DUARTE, 2022). No entanto, muitos desses projetos de restauração em larga escala foram mal-sucedidos, devido a esforços realizados apenas em curto prazo, por escolha inadequada de locais para plantio e da escolha equivocada de plantas e por falta de incentivos das comunidades e dos governos (LEE *et al.*, 2019). Além disso, esses programas também podem sofrer com a ocorrência de eventos naturais extremos, como por exemplo, ciclones, tufões e tsunamis (LOVELOCK; BARBIER.; DUARTE, 2022).

Projetos de pequena escala também são uma alternativa para a proteção de manguezais, pois geralmente apresentam taxas de sobrevivência das plantas mais altas do que projetos de grande escala (BAYRAKTAROV *et al.*, 2016; LOVELOCK; BARBIER; DUARTE, 2022). Apesar de projetos menores normalmente terem custos elevados, eles são

viáveis economicamente e trazem resultados positivos, principalmente em pequenas comunidades dependentes dos recursos dos manguezais (STEWART-SINCLAIR; KLEIN; BATEMAN; LOVELOCK, 2021).

Além dos métodos tradicionais de replantio para restauração de manguezais, técnicas de biorremediação têm sido utilizadas mundialmente para mitigar os impactos negativos decorrentes de derramamento de óleo (SANTOS *et al.*, 2010). Essa estratégia consiste em utilizar microrganismos oriundos de manguezais ou consórcios microbianos, que têm a capacidade de degradar hidrocarbonetos de petróleo, para recuperar áreas desse ecossistema que foram atingidas por óleo (PEIXOTO *et al.*, 2011). Diversos estudos mostram que a biorremediação ambiental pode ser uma opção baseada na natureza muito eficiente para a recuperação de manguezais (BRAGG; PRINCE; HARNER; ATLAS, 1994; ATLAS, 2011; SANTOS *et al.*, 2010; DUKE, 2016; MACHADO *et al.*, 2019). No entanto, diferente da maioria dos solos, os sedimentos dos manguezais são predominantemente anaeróbicos, e isso deve ser considerado ao desenvolver uma estratégia de biorremediação (GHIZELINI; MENDONÇA-HAGLER; MACRAE, 2012).

Dessa forma, considera-se que os benefícios de se restaurar esses ecossistemas costeiros são maiores que os custos (STEWART-SINCLAIR; KLEIN; BATEMAN; LOVELOCK, 2021). Ademais, dados recentes revelam que os manguezais restaurados podem prover bens econômicos que equivalem a dois terços dos manguezais naturais e são capazes de fornecer serviços ecossistêmicos da mesma forma que manguezais naturalmente regenerados (SU; FRIESS; GASPARATOS, 2021).

Entretanto, deve-se levar em conta que ecossistemas que sofreram degradação e passaram por processos de restauração geralmente fornecem funções ecossistêmicas em níveis mais baixos que manguezais naturais ou aqueles regenerados naturalmente. Portanto, a conservação de manguezais em seu estado natural deve ser sempre prioritária (WORTHINGTON; SPALDING, 2018; SU; FRIESS; GASPARATOS, 2021).

5.4 Potencial Biotecnológico nos Manguezais

Desde os primórdios da civilização, os microrganismos são fonte de diversos benefícios para a humanidade, em especial na alimentação, através da produção de pães, queijos e bebidas, por meio da fermentação. No decorrer dos anos, com o uso da Biotecnologia Microbiana, a utilização dos microrganismos expandiu-se para outras áreas,

onde a fabricação de diversos produtos e serviços passou a ser mediada por microrganismos, como gerenciamento de resíduos, diagnóstico e prevenção de doenças, fontes de energia, produção de biocombustíveis, monitoramento ambiental, etc (TIMMY *et al.*, 2017; OLIVEIRA *et al.*, 2022).

Os manguezais são capazes de prosperar em ambientes estressantes e com condições desfavoráveis devido a adaptações fisiológicas, morfológicas e bioquímicas que os protegem dessas perturbações (BANDARANAYAKE, 2002; GLASENAPP; KORTH; NGUYEN; PAPENBROCK, 2019). Além disso, são conhecidos por sustentarem uma rica biodiversidade de animais, plantas e microrganismos (THATOI; BISWAL, 2008), os quais constituem uma importante fonte de recursos biológicos com potencial biotecnológico e com capacidade de produzir nanopartículas que podem ser usadas para fabricação de produtos de interesse industrial, tecnológico, farmacológico e medicinal, tais como novos medicamentos, enzimas, proteínas e pigmentos microbianos terapêuticos (SADEER; ZENGIN; MAHOMOODALLY, 2022; DAS *et al.*, 2016; PALLIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013).

Estudos relatam que nos manguezais (e o solo, as plantas, os animais e os microrganismos associados a estes) são encontrados compostos com propriedades antidiabéticas, antioxidantes, antibacterianas, anticancerígenas, antitumorais, citotóxicas, antiproliferativas, inseticidas, antimaláricas, antifúngicas, antialimentares, antidiarréicas, depressoras do sistema nervoso central, antimitóticas, antileucêmicas, antiplasmodiais, anti-hipertensivas, entre outras (KATHIRESAN, 2000; BANDARANAYAKE, 2002; PATRA; THATOI, 2011; DAS *et al.* 2016; RODRÍGUEZ-GARCÍA *et al.*, 2019).

Além disso, esses ecossistemas também são prováveis fontes de matérias-primas para a produção de inseticidas, larvicidas, pesticidas, compostos para biorremediação ambiental, proteção UV (ultravioleta) e degradação de poluentes, como os HPAs (Hidrocarbonetos Policíclicos Aromáticos) (BANDARANAYAKE, 2002; KATHIRESAN, 2000). Rodríguez-García *et al.* (2019) relataram ainda que algumas espécies de plantas halófitas têm potencial antimicrobiano com capacidade de inibir o crescimento de fungos patogênicos.

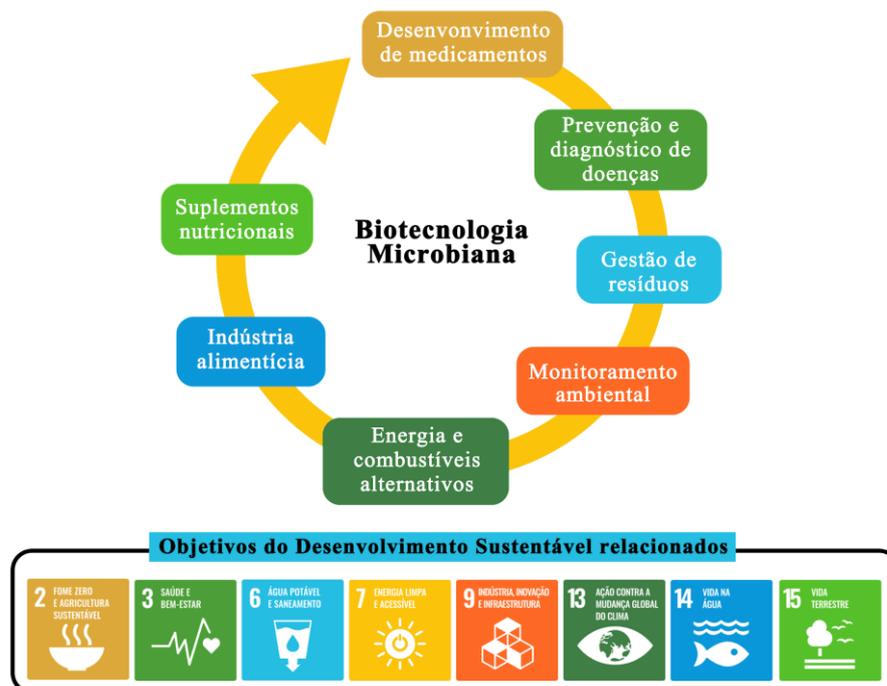
Recentemente foi identificado que produtos antimicrobianos provenientes de microrganismos de manguezais podem ser mais eficientes que outros microrganismos no combate às doenças fitopatológicas (HAO *et al.*, 2019). Além disso, foi constatado que fungos provenientes dos manguezais são capazes de produzir diversos metabólitos com potencial para produção de novos fármacos (XU *et al.*, 2014; SANGKANU;

RUKACHAISIRIKUL; SURIYACHADKUN; PHONGPAICHIT, 2017; HU *et al.*, 2018; HU; LEE; LI; MOK, 2021).

Embora já tenham sido encontrados diversos compostos biotecnológicos provenientes de microrganismos nos manguezais, acredita-se que a maioria desse potencial (cerca de 90%) permanece inexplorado. Grande parte dessa limitação se deve às restrições dos métodos dependentes de cultivo e pelo fato de que a maioria desses organismos não podem ser cultivados. Boa parte desse problema promete ser resolvido nos próximos anos graças aos avanços de ferramentas como o sequenciamento de alto rendimento e da metagenômica, que prometem facilitar a descoberta de novos compostos biotecnológicos (SCHNEIDER; MISIEK; HOFFMEISTER, 2008; VASUNDHARA; KUMAR; REDDY, 2016; TIMMY *et al.*, 2017).

As demandas sociais, comerciais e médicas por soluções baseadas na natureza para a resolução de problemas causados pelas atividades humanas impulsionam a busca por novos produtos biotecnológicos. Tendo isso em vista, os microrganismos possuem grande potencial para ser umas das peças-chaves para o cumprimento de metas ambientais e o desenvolvimento sustentável, como os Objetivos do Desenvolvimento Sustentável (ODS) das Nações Unidas para uma vida sustentável e um planeta justo até o ano de 2030 (TIMMY *et al.*, 2017; IUCN, 2020).

Figura 3 – Aplicações da Biotecnologia Microbiana nos ODS



Fonte: Adaptado de TIMMY *et al.*, (2017).

Os microrganismos têm papel relevante em diversos processos que sustentam a Terra, em especial nas florestas de manguezais. A biodiversidade microbiana é muito rica e tem grande potencial biotecnológico. Dessa forma, conhecer a diversidade microbiana e compreender o funcionamento dos processos que sustentam os manguezais pode nos proporcionar a descoberta de novos compostos bioativos para promoção do bem-estar ambiental e humano. Portanto, estudos sobre a diversidade microbiana devem ser prioridade em estudos nas ciências ambientais, assim como nas áreas industrial, biotecnológica e medicinal (THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013; OLIVEIRA *et al.*, 2022).

5.5 Relação entre microrganismos, solo e plantas nos manguezais

Microrganismos, como arqueas, bactérias, fungos, algas, protozoários e vírus, são seres ubíquos que representam a maior parte da diversidade existente na Terra (TIMMY *et al.*, 2017; OLIVEIRA *et al.*, 2022). Whitman, Coleman e Wiebe (1998) estimaram que arqueias e bactérias possuem entre 60-90% de todo carbono existente na natureza. Como os primeiros habitantes do planeta, os microrganismos vêm convivendo com as diferentes condições e mudanças dos mais variados ambientes há muito tempo, o que resultou em uma grande versatilidade tanto na diversidade quanto no metabolismo, se comparado a outros organismos. Assim, foram capazes de sobreviver a catástrofes e eventos de extinção em massa, além de habitar em ambientes com condições extremas, como os manguezais.

Nos manguezais, a vegetação e o solo possuem relações complexas que permitem o equilíbrio ecológico do ecossistema. A vegetação possui adaptações às características extremas do solo, que é permanentemente alagado. O solo é composto basicamente por areia, lama, silte, argila e matéria orgânica, em diferentes proporções, que possibilitam a existência de uma rica diversidade de microrganismos. (HOSSAIN; NURUDDIN, 2016; ALONGI, 2005; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013).

Em geral, o solo superficial dos manguezais é arenoso ou argiloso, dominado por estruturas biológicas como raízes de árvores e tocas de caranguejo. O solo arenoso favorece a percolação de água e a aeração do solo durante a maré baixa. Já o solo argiloso é anaeróbico, pois não permite a entrada de oxigênio devido à sua pouca porosidade. Além disso, esses solos possuem características redutoras e alta variabilidade de salinidade, com pH ácido ou

alcalino, variando entre 2,87-8,22. Dessa forma, a distribuição e o desenvolvimento dos manguezais variam de acordo com as características físicas e químicas presentes nos solos, considerados os principais responsáveis por regularem a produtividade do ecossistema. Assim, a tríplice relação entre solo-microrganismos-manguezais é responsável pelo equilíbrio e a saúde desses ambientes (HOSSAIN; NURUDDIN, 2016; ALONGI, 2005; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013).

Os micróbios dos manguezais são responsáveis por regularem a estrutura do solo, principalmente através da decomposição de matéria orgânica, mineralização de compostos e fixação de nitrogênio. Assim, convertem constantemente os nutrientes presentes no ambiente em elementos mais simples que podem ser aproveitados pelas espécies vegetais. (PALLIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022).

A saúde e o crescimento das plantas terrestres dependem de interações com microrganismos, como bactérias e fungos (BERENDSEN; PIETERSE; BAKKER, 2012; SCHMIDT; BOWLES; GAUDIN, 2016). Assim como as demais plantas terrestres, os manguezais também dependem de associações benéficas com as comunidades microbianas para sua sustentação (BERENDSEN; PIETERSE; BAKKER, 2012; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013). As espécies vegetais e seu microbioma possuem relações heterogêneas, e este pode ser considerado como uma extensão da composição genética do hospedeiro. Além disso, a microbiota das plantas é caracterizada por contemplar microrganismos provenientes da filosfera (região sobre os tecidos vegetais), endosfera (região dentro dos tecidos vegetais) e rizosfera (região próxima a raiz) (TURNER; JAMES, POOLE, 2013).

De acordo com Edwards e colaboradores (2015), existem três compartimentos associados às raízes das plantas: a rizosfera, a endosfera e o rizoplano, que podem apresentar diversidade microbiana distinta em cada um deles (ZHUANG *et al.*, 2020). A montagem das comunidades microbianas nas raízes das plantas ocorre em duas etapas: primeiramente se dá a colonização da rizosfera, com micróbios selecionados a partir do solo circundante e, em segundo lugar, ocorre a colonização do rizoplano e da endosfera, ambos compostos por microrganismos oriundos da rizosfera (BULGARELLI *et al.*, 2013; EDWARDS *et al.*, 2015). Neste estudo focaremos em conhecer e comparar a diversidade fúngica presente nos compartimentos nos compartimentos do solo, da rizosfera e da endosfera.

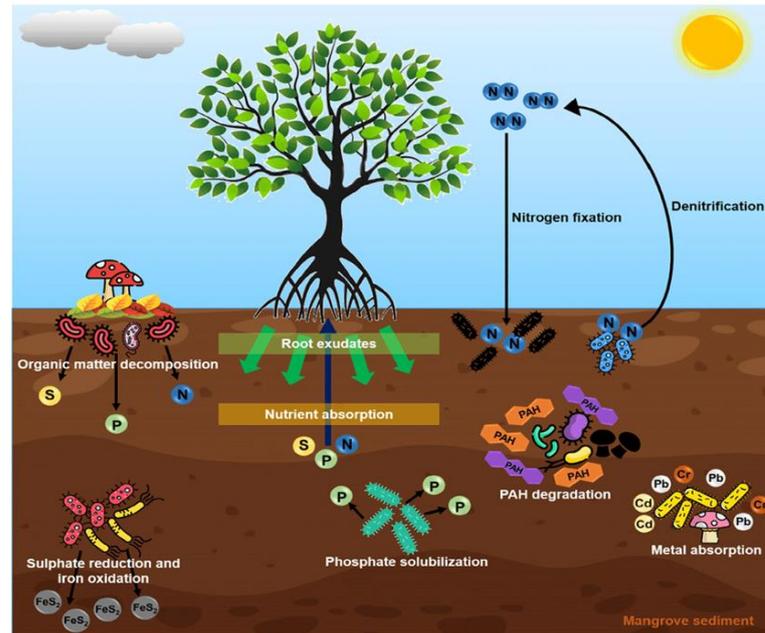
Rizosfera foi um termo utilizado por Hiltner em 1904 para definir a região do solo que sofre influência direta das raízes (HARTMANN; ROTHBALLER; SCHMID, 2008). Mais recentemente, o termo passou a englobar também a região superficial desde a raiz até

cerca de 3 mm do solo circundante (MOREIRA; SIQUEIRA, 2002; WILLADINO *et al.*, 2005). No entanto, a extensão da rizosfera é variável. Fatores como tipo do solo, estrutura e formato da planta, entre outros fatores, podem influenciar em seu tamanho (WILLADINO *et al.*, 2005). O rizoplano é definido como a região superficial das raízes, que faz a ligação entre as plantas e o solo, onde estão aderidas diversas partículas (EDWARDS *et al.*, 2015). Já a endosfera, é a região que compreende o interior dos tecidos das plantas (BARBOSA *et al.*, 2015).

Exsudatos radiculares (i.e. compostos liberados por raízes de plantas) são os fatores chave para a estrutura do microbioma da rizosfera (BAIS *et al.*, 2006; BROECKLING *et al.*, 2008; SHI *et al.*, 2011; BADRI *et al.*, 2013). Esses compostos contêm ácidos graxos, açúcares, ácidos orgânicos, substâncias antimicrobianas, promotores de crescimento, vitaminas e hormônios (BERTIN; YANG; WESTON, 2003). Assim, as plantas liberam exsudatos, por meio de suas raízes, que servem como fontes de energia para os microrganismos presentes nos sedimentos e na rizosfera (ALONGI; CHRISTOFFERSEN; TIRENDI, 1993; THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013; PALLIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022). Por meio desse sistema, as espécies vegetais selecionam organismos de seu interesse para sua rizosfera, conforme suas necessidades. Dessa forma, esse mecanismo permite que as plantas controlem seu microbioma; e seu microbioma, em contrapartida, controle a saúde das plantas (BERENDSEN; PIETERSE; BAKKER, 2012).

Em geral, o microbioma endofítico é representado por uma parcela do microbioma da rizosfera, sugerindo que ocorre uma seleção interna nas plantas (TURNER; JAMES, POOLE, 2013). No entanto, não há ainda muitos detalhes de como ocorre a seleção dessa microbiota. O conhecimento disponível sobre o microbioma da endosfera ainda é bem escasso (ZHUANG *et al.*, 2020; SUN *et al.*, 2021). Dessa forma, compreender como são montados os microbiomas das plantas a partir do solo em direção a rizosfera-endosfera pode nos ajudar a aprimorar a produtividade de alimentos e no conhecimento do funcionamento de ecossistemas, como os manguezais.

Figura 4 - Relações interdependentes entre solo, plantas e microrganismos nos manguezais



Fonte: PALLIT; RATH; CHATTERJEE; DAS (2022).

Pesquisas recentes apontam que as mudanças climáticas e a influência antrópica podem causar alterações na relação entre microrganismos, solo e plantas dos manguezais. Perturbações, como derramamento de óleo e contaminação por metais pesados, podem alterar as características físicas e químicas do solo, como pH e fertilidade, e até mesmo destruir toda a vegetação existente. Consequentemente, tais perturbações alteram a microbiota do solo, da rizosfera e da endosfera das plantas, pois os microrganismos são sensíveis à poluição ambiental, além de responderem aos diversos elementos estranhos que porventura atinjam os manguezais. Além disso, a elevação da temperatura, provocada pelo aquecimento global, causa o aumento da evapotranspiração que provoca a redução da umidade do solo e aumento da salinidade, com conseqüente mudanças na diversidade microbiana (SANTOS, 2011; CONDON; ATCHLEY; MAXWELL, 2020; ONYENA; SAM, 2020; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022).

5.6 Composição microbiana em manguezais

Manguezais são ecossistemas costeiros encontrados em áreas tropicais e subtropicais ao longo do mundo, onde as variações físicas e químicas às quais estão submetidos, como flutuações de salinidade, temperatura e ação das marés, regulam a

composição da sua microbiota (SCHAEFFER-NOVELLI, 1995; SRILATHA; VARADHARAJAN; CHAMUNDEESWARI; MAYAVU, 2013).

A microbiota dos manguezais é composta por diversas comunidades microbianas, como bactérias, cianobactérias, fungos, microalgas, macroalgas e protistas, sendo a maior parte delas, 91%, representada por bactérias e fungos (ALONGI, 1988; KATHIRESAN; BINGHAM, 2001). Esses organismos podem ser de água doce, marinhos e terrestres, com a maioria dos seus representantes, bactérias e fungos, cumprindo principalmente o papel de degradadores de matéria orgânica (THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013; PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022).

As atividades realizadas pela microbiota estão associadas a várias vias metabólicas ligadas à ciclagem, aquisição e disponibilização de nutrientes, filtração de poluentes, purificação da água e sustentação de uma extensa cadeia alimentar de base detritívora em paralelo à baseada em herbivoria (LIN, et al., 2019, ALONGI, 1988, ALONGI; CHRISTOFFERSEN; TIRENDI, 1993; NEDWELL; BLACKBURN; WIEBE, 1994; TIMMY et al., 2017; MISHRA et al., 2013; ALLARD et al., 2020).

Dentre as bactérias habitantes dos manguezais, a maioria é constituída de redutoras de sulfato, fixadoras de N₂, solubilizadoras de fosfato, fotossintéticas anoxigênicas e metanogênicas (THATOI; BEHARA; MISHRA; DUTTA, 2013). Já os fungos são representados principalmente por grupos de ligninolíticos, celulolíticos, pectinolíticos, amilolíticos e proteolíticos e actinomicetos (KATHIRESAN; BINGHAM, 2001).

A maioria dos estudos conduzidos para identificar a diversidade microbiana nos manguezais têm foco nas bactérias e no compartimento do solo. Dessa forma, é importante que estudos futuros se dediquem a realizar um levantamento global dos componentes microbianos em todos os compartimentos dos manguezais. A Tabela 3 apresenta alguns estudos que nos últimos anos identificaram os filos dominantes de bactérias e fungos de manguezais de diversas localidades e em diferentes compartimentos.

Tabela 3 - Diversidade bacteriana e fúngica de diferentes manguezais

Microrganismos	Filos Dominantes	Compartimento	Localização	Referência
Bactérias	Proteobacteria, Firmicutes, Chloroflexi e Acidobacteria	Solo	São Paulo (BRA)	Mendes e Tsai, (2014)
	Proteobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi,	Solo	Ceará (BRASIL)	Nogueira et al., (2015)

	Firmicutes e Planctomycetes			
	Firmicutes Proteobacteria e Chloroflexi	Solo	Bahia (BRA)	Santana et al., (2021)
	Proteobacteria e Bacteroidetes	Solo	Praia de Barra Grande, Icapuí - CE (BRASIL)	Rocha et al., (2016)
	Proteobacteria, Planctomycetes, Acidobacteria, Bacteroidetes e Chloroflexi	Solo	Norte, Nordeste e Sul do Brasil	Tavares et al., (2022)
	Proteobacteria, Firmicutes, Chloroflexi, Bacteroidetes e Acidobacteria	Solo	Flórida (EUA)	Barreto, Morrissey, Wykoff e Chapman, (2018)
	Proteobacteria, Actinobacteria, Chloroflexi e Acidobacteria.	Solo	Hainan (CHINA)	Liu, Huang, Bao e Tong, (2019)
	Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria e Acidobacteria.	Água e Solo	Daya Bay (CHINA)	Zhang, Hu, Ren e Zhang, (2018)
	Chloroflexi, Acidobacteriota, Desulfobacterota e Proteobacteria	Solo	Fujian (CHINA)	Zhang, Gui, Zhang e Li, (2022)
	Proteobacteria, Bacteroidetes e Firmicutes	Solo	Sundarbans (BANGLADESH)	Basak et al., (2016)
	Proteobacteria	Solo	Cochin (ÍNDIA)	Nathan, Vijayan e Ammini, (2020)
	Proteobacteria	Solo	Yucatán (MÉXICO)	Gómez-Acata et al., (2023)
	Proteobacteria	Solo	Estuário do rio Merbok (MALÁSIA)	Mai et al., (2021)

	Proteobacteria, Chloroflexi, Actinobacteriae Bacteroidetes.	Raízes	Flórida (EUA)	Zuang et al., (2020)
Fungos	Ascomycota e Basidiomycota	Solo	Fujian (CHINA)	Zhang, Gui, Zhang e Li, (2022).
	Ascomycota, Basidiomycota e Chytridiomycota	Solo	Hainan (CHINA)	Zuo et al., (2022)
	Asmycota e Basidiomycota	Raízes	Flórida (EUA).	Zuang et al., (2020)

Fonte: elaborado pela autora (2023).

5.6.1 Composição fúngica em manguezais

Os manguezais abrigam diversos fungos, pois fornecem condições favoráveis para sua proliferação. As raízes e folhas caídas, que são molhadas pela ação das marés, são substratos ideais para o crescimento fúngico (SARMA; HYDE, 2001). Os fungos habitantes dos manguezais são de origem terrestre e marinha, conhecidos como “manglicosos” ou saprofíticos (i.e., fungos decompositores que se alimentam de matéria orgânica morta), e a maioria pertence aos filos Ascomycota, Deuteromycota e Basidiomycota (PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022).

Em geral, as áreas de manguezais que são frequentemente inundadas pela ação das marés são dominadas por fungos de origem marinha. Já as áreas mais à montante, são habitat para fungos terrestres (LEE *et al.*, 2019). Sarma e Hyde (2001) afirmam que existem seis fatores que regulam a diversidade fúngica em diferentes regiões dos manguezais: (a) especificidade do hospedeiro; (b) estágio sucessional; (c) variação espaço-temporal; (d) distribuição vertical; (e) distribuição horizontal e salinidade; e (f) especificidade do substrato ou tecido.

Estudos recentes utilizando abordagem metagenômica demonstraram que manguezais quase intocados da Arábia Saudita e de Nova Caledônia eram dominados pelos filos Ascomycota e Basidiomycota, seguidos em menor proporção por Chytridiomycota e Glomeromycota (SIMÕES *et al.*, 2015; LUIS *et al.*, 2019). Já os manguezais de Cingapura e da Malásia são dominados por fungos pertencentes ao filo Ascomycota (HAMZAH *et al.*, 2018; LEE *et al.*, 2019).

Em trabalhos realizados em regiões contaminadas por HPAs, o filo Ascomycota foi predominante (BALU; BHUNIA; GACHHUI; MUKHERJEE, 2020; ÁLVAREZ-BARRAGÁN; CRAVO-LAUREAU; WICK; DURAN, 2021). Já em manguezais contaminados com metais pesados, os filos dominantes foram Ascomycota e Basidiomycota (XIAO *et al.*, 2021).

Uma meta-análise realizada para comparar a diversidade fúngica em manguezais intocados e poluídos revelou que o filo Ascomycota é predominante em ambos os casos. Isso demonstra que Ascomycota é um componente central da microbiota fúngica presente nos manguezais, independente das condições dos ecossistemas. Apesar de o estudo revelar que a poluição não afeta a composição do microbioma, a abundância fúngica é bastante variável dentro de uma comunidade (PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022).

Além disso, ainda existem poucos estudos sobre a diversidade fúngica em manguezais do Novo Mundo (AEP; do inglês, *Atlantic East Pacific*). Dessa forma, é prioritário o desenvolvimento de pesquisas que estudem as comunidades fúngicas nesses manguezais em seus diferentes nichos (PALIT; RATH; CHATTERJEE; DAS, 2022). Levando-se em conta a diversidade de ambientes e ecossistemas presentes nessa região, ainda há muito o que ser estudado.

O desenvolvimento deste estudo sobre a diversidade taxonômica fúngica nos compartimentos do solo, rizosfera e endosfera de um manguezal do semiárido do nordeste brasileiro é de extrema importância pois representa a primeira investigação desse tipo no país. Esta pesquisa pioneira amplia significativamente nosso conhecimento sobre a biodiversidade fúngica presente em manguezais, que é essencial para a conservação e o manejo sustentável desses ambientes. Além disso, a descoberta de fungos adaptados às condições específicas da região pode fornecer novos insights para a biotecnologia, com potencial para aplicações industriais e farmacêuticas. Portanto, a realização deste estudo não só fortalece a base científica sobre os manguezais brasileiros, mas também promove sua valorização e preservação.

5.7 Métodos de estudo de microrganismos

Por muitos anos os microbiologistas viam-se diante do desafio de como estudar o mundo microbiano, uma vez que se acreditava que as técnicas de cultivo em laboratório, utilizadas até então, subestimaram o que se sabia sobre esses seres. Um dos indicadores que

corroboram com essa ideia era o fenômeno da “grande anomalia da contagem de placas” (STALEY, 1985), onde estimava-se que apenas cerca de 1% das células existentes em ambientes podem ser recuperadas através da contagem direta de placas. Esse fenômeno pode ser explicado pela interdependência entre organismos e a impossibilidade de reproduzir as condições reais que proporcionam o crescimento de microrganismos no ambiente (HANDELSMAN, 2004; SCHMIDT, 2006).

Até os recentes avanços ocorridos através do advento das técnicas moleculares, a diversidade microbiana proveniente de amostras ambientais era representada por meio de microrganismos que eram isolados e cultivados em laboratórios. Apesar da importância da realização desses estudos, nas últimas décadas as ferramentas metagenômicas comprovaram que esses métodos tradicionais de estimativa de organismos subestimaram grandemente a diversidade real encontrada na natureza (XU, 2006; AMANN; LUDWIG; SCHLEIFER, 1995). A metagenômica desenvolveu-se a partir dessa limitação dos métodos baseados em cultivo e é utilizada para substituir ou complementar esses métodos (STEELE; STREIT, 2005; SIMÃO; DANIEL, 2009).

A metagenômica, definida como uma investigação de genes de uma comunidade, despontou como uma ferramenta essencial para alcançar dados sobre a fisiologia e a genética de organismos não cultivados. Assim, o acesso ao DNA metagenômico (i.e., conjunto de DNAs genômicos de diferentes organismos presentes no ambiente) de determinado ambiente é feito sem que haja a cultura de organismos (HANDELSMAN, 2004).

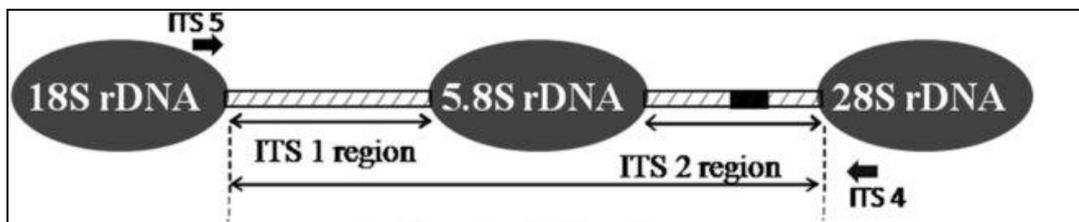
A metagenômica é uma ferramenta eficiente para conhecer a diversidade filogenética de microrganismos presentes em amostras ambientais, sejam eles associados ao solo, à água, ao sedimento ou a outros substratos, como hospedeiros. Esses dados podem nos indicar a diversidade da comunidade, assim como a presença ou ausência de determinados microrganismos, genes ou vias biosintéticas (HANDELSMAN, 2004; STEELE; STREIT, 2005; SIMÃO; DANIEL, 2009).

A evolução nas técnicas de sequenciamento de DNA de alto rendimento alavancaram os estudos metagenômicos, tendo como consequência uma melhor compreensão sobre a ecologia microbiana de diversos ecossistemas, como por exemplo os manguezais (ANDREOTE *et al.*, 2012; COLARES; MELO, 2013). Além disso, a bioinformática, que utiliza softwares para identificar padrões nos dados e sugerir mecanismos adequados para estes, nos possibilita acessar conhecimentos indispensáveis para compreender o funcionamento de diversos ecossistemas (XU, 2006).

Os métodos moleculares podem nos fornecer informações importantes sobre as comunidades microbianas presentes no solo a partir de amostras ambientais (ANDERSON; CAIRNEY, 2004; BEECK *et al.*, 2014). Para isso, é necessário o uso de primers específicos, mas universais dentro do grupo de interesse, para que possam contemplar o maior número possível de táxons, além de amplificar eficientemente as regiões alvo, mesmo em amostras cuja a presença de DNA não alvo e contaminantes, como ácidos húmicos, seja elevada, (BEECK *et al.*, 2014; VANCOV; KEEN, 2009; KOSCH; SUMMERS, 2013) como é o caso das amostras deste estudo.

Entre os fungos, os primers capazes de amplificar os genes 18S rRNA, da região ITS1 e ITS2 (Figura 5), são comumente utilizados para análise da diversidade fúngica, pois são encontrados na maioria dos fungos e possuem sequências conservadas e diversas (HILL *et al.*, 2000). Beeck e colaboradores (2014) afirmam que o par de primers ITS86F/ITS4 é o mais adequado em estudos sobre caracterização da diversidade fúngica, em amostras de solo e outras amostras ambientais, em termos de eficiência de primers, resultados de PCR e números de unidades taxonômicas operacionais (OTUs) encontradas em nível de espécie.

Figura 5 - Representação esquemática da região do espaçador transcrito interno (ITS) entre 18S rDNA e 28S rDNA, que inclui ITS 1, ITS 2 e 5.8S rDNA.



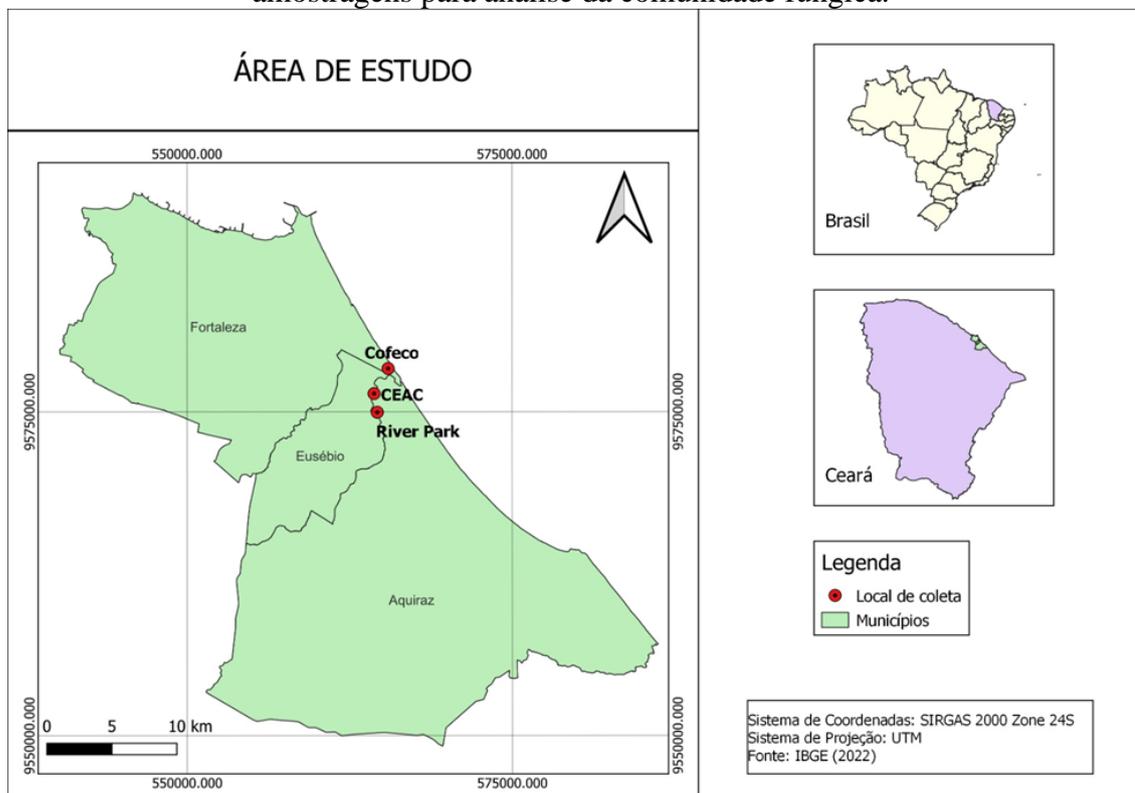
Fonte: Adaptado de SHEN *et al.*, 2020.

6 MATERIAIS E MÉTODOS

6.1 Áreas de Estudo e Desenho Amostral

Os solos de manguezal e as raízes de *Rhizophora mangle* foram coletados do manguezal do Rio Pacoti, localizado na Região Metropolitana de Fortaleza (RMF), entre os municípios de Fortaleza, Eusébio e Aquiraz. Este manguezal faz parte do sítio PELD CSB, onde foram selecionadas três áreas com distância crescente da foz do rio, cada uma delas contendo três transectos perpendiculares ao Rio Pacoti. A área 1 é localizada na Cofeco (município de Fortaleza, CE, 3,815077 E; 38,41074 S), a área 2 no CEAC (Centro de Estudos Ambientais Costeiros, estação de pesquisa do Instituto de Ciências do Mar da Universidade Federal do Ceará) (município de Eusébio, CE, 3,831545 E; 38,420067 S) e a área 3 no Loteamento River Park (município de Aquiraz, CE, 3,845311 E; 38,428098 S), conforme observamos na Figura 6. Como parte integrante do projeto PELD CSB, em tais áreas também foram realizadas coletas para caracterização da comunidade bentônica de moluscos e carcinofauna, assim como a fitossociologia do bosque de manguezal.

Figura 6 - Áreas de coletas integrantes do Projeto PELD CSB onde foram realizadas as amostragens para análise da comunidade fúngica.



Fonte: elaborado pela autora, 2023.

Cada transecto, paralelo à linha d'água, tem 30 metros de comprimento, sendo cada um deles dividido em três parcelas de 10x10 metros. As coletas foram realizadas nos transecto 1 e 3 de cada área. Nas parcelas 1 e 3 foram amostradas duas réplicas de raízes *Rhizophora mangle* e de solo do manguezal. Esse delineamento amostral se repetiu em cada uma das áreas de coleta (Figura 7).

Figura 7 - Desenho amostral da pesquisa apresentando os transectos (T1, T2, T3), as parcelas de cada transecto (P1, P2, P3) e as réplicas amostradas em cada uma das parcelas (R1 e R2).



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Para a obtenção de dados pluviométricos foi selecionado o posto pluviométrico de Aquiraz (ID: 11 - Posto Aquiraz; 40.3667 S; 6.8670 E) devido a sua proximidade e maior influência nas áreas de coleta.

6.2 Coleta de Amostras

As coletas ocorreram nos meses de abril, julho e novembro de 2022, durante o período chuvoso, na transição do período chuvoso para o seco, e no período seco, respectivamente. Todas as coletas foram realizadas durante a maré de sizígia (amplitude de até 0,2 m).

O sedimento superficial foi coletado utilizando um amostrador cilíndrico de PVC de 10 cm de diâmetro por 30 cm de comprimento, numa profundidade de 0-20 cm, eliminando-se após a coleta a porção mais superficial (1 mm), pois essa região do solo possui maiores interferências das condições ambientais circundantes e para evitar contaminação das amostras. As raízes foram coletadas com o auxílio de um canivete/faca e então foram acondicionadas em tubos estéreis e novos de plástico. Antes da coleta e entre a obtenção de diferentes amostras, todos os materiais utilizados passaram por esterilização com Etanol 70%. As amostras de solo foram armazenadas em sacos plásticos e em tubos estéreis de plástico, e mantidas em caixa térmica com gelo até serem levadas ao laboratório. Também foram coletadas amostras de água, que foi armazenada em microtubos estéreis de plástico, para a medição da salinidade que foi realizada posteriormente em laboratório utilizando um refratômetro. As amostras de raízes e solos coletadas destinadas às análises de biologia molecular ficaram armazenadas em tubos estéreis de plástico e foram congeladas a -20° C até o seu processamento. Já as amostras de solo para caracterização física e química ficaram acondicionadas em sacos plásticos e ficaram em temperatura ambiente para posterior realização das análises.

6.3 Análises físicas e químicas

As amostras de sedimento foram analisadas quanto à salinidade, temperatura, granulometria, teor de matéria orgânica, teor de umidade do solo, teor de fósforo, pH e grau de piritização.

A salinidade e a temperatura foram medidas *in situ* utilizando refratômetro e termômetro, respectivamente. O teor de umidade foi estimado de acordo com Embrapa (2017) e calculado pela fórmula $h (\%) = ma/ms * 100$, onde h é a umidade do solo, ma é a massa de água contida na amostra e ms é a massa do solo (CAPUTO; CAPUTO, 2017).

Para a análise granulométrica, porções de 200g de solo foram secas em estufa a 60°C. Após isso, as amostras foram maceradas com o auxílio de almofariz e pistilo, com cuidado de retirar pequenos fragmentos de raízes e folhas manualmente. Em seguida, foram pesados 30g de solo seco, os quais foram macerados e lavados em peneira de malha com abertura de 0,062mm para a separação da fração silte-argila. O sedimento que ficou retido na peneira foi transferido para recipientes de vidro e foi seco novamente em estufa a 60°C. O sedimento seco foi submetido a agitação em um conjunto de peneiras com aberturas de malha decrescentes de 2 mm a 0,090 mm por 10 minutos em um agitador elétrico. As frações retidas

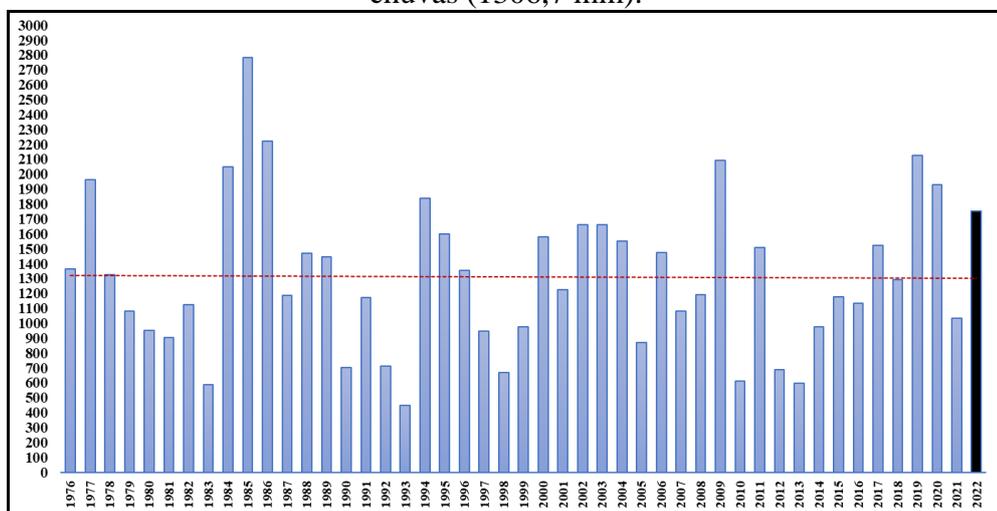
em cada peneira foram pesadas e os resultados obtidos foram analisados no software Sysgram (versão 3.0). A classificação granulométrica foi dada conforme o diagrama triangular de Shepard (1954).

A determinação do teor de matéria orgânica das amostras foi realizada de acordo com o método de perda por ignição (PPI), conforme Schulte e Hopkins (1996). A obtenção do pH se deu por meio de eletrodo combinado imerso em suspensão solo-líquido na proporção 1:2,5 (EMBRAPA, 2017). O grau de piritização foi realizado de acordo com Huerta-Diaz e Morse (1990) e o teor de fósforo determinado através da formação do complexo fósforo-molibdico de cor azul obtido após redução do molibdato com ácido ascórbico e determinado por espectrofotometria (EMBRAPA, 2017), ambos realizados no Departamento de Ciências do Solo, da UFC.

6.3.1 Pluviosidade

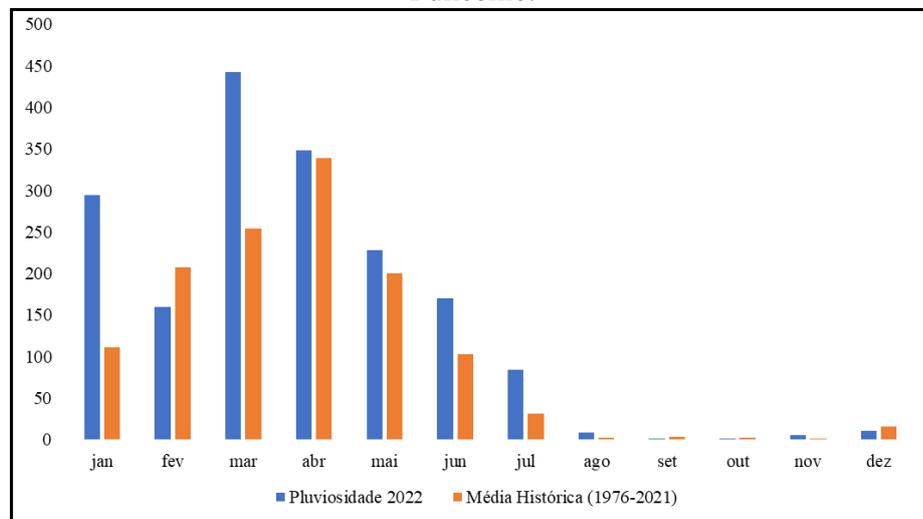
Em 2022, de acordo com a Funceme (Fundação Cearense de Meteorologia e Recursos Hídricos), Aquiraz apresentou 1754,5 mm de chuva. A média histórica de chuva neste município é de 1306,7 mm, portanto no ano do estudo as chuvas registradas ficaram 34,3% acima da média (Gráfico 1). Para aquisição desses dados, foram utilizados os valores registrados pela Funceme para a Estação 11, localizada em Aquiraz, a qual foi avaliada como a mais representativa para o local de estudo dentre as estações disponíveis.

Gráfico 1- Pluviosidade Anual do município de Aquiraz (1976-2022) de acordo com os dados medidos para a Estação 11, da Funceme. A linha pontilhada se refere a média histórica de chuvas (1306,7 mm).



Fonte: FUNCEME (2023).

Gráfico 2: Pluviosidade Anual do município de Aquiraz do ano de 2022 x Média Histórica de chuva entre os anos de 1976 a 2021 de acordo com os dados medidos para a Estação 11, da Funceme.



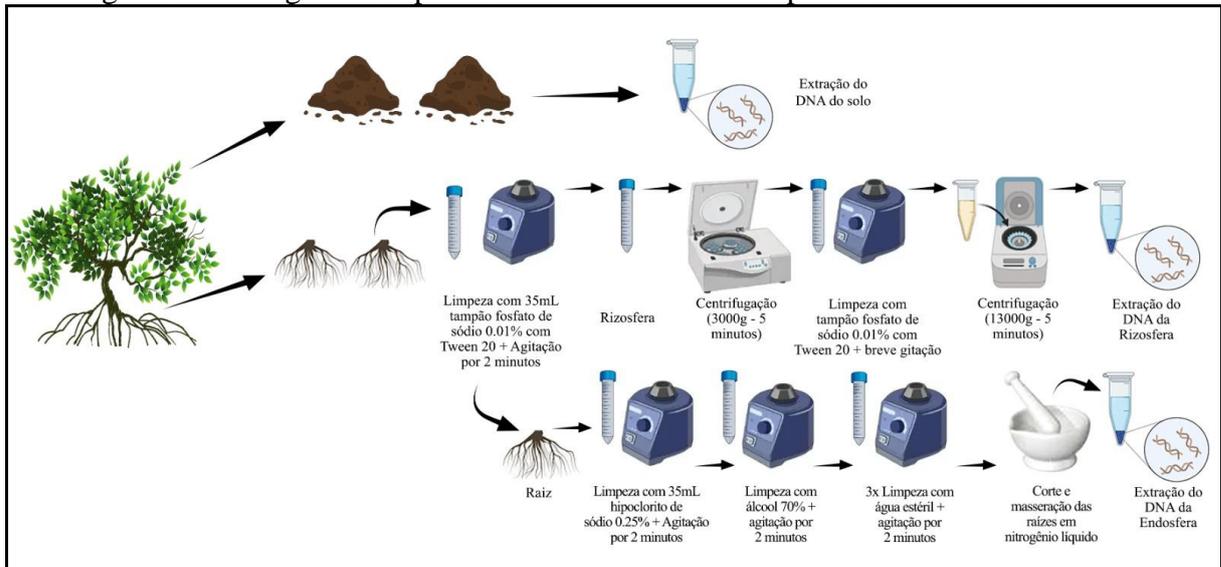
Fonte: FUNCEME (2023).

Nos meses em que ocorreram as coletas (abril, julho e novembro de 2022), as chuvas ficaram acima da média histórica. Em abril, o município registrou 348,7 mm de chuva, e a média histórica para esse mês é de 338,8 mm. O mês de julho apresentou um volume de chuvas de 84,7 mm, valor 2,5 vezes superior à média histórica para esse mês que é de 31,9 mm. Já em novembro, o volume de chuvas registrado foi de 5,4 mm, com média histórica de 1,6 mm.

6.4 Processamento das amostras para extração do DNA

Neste trabalho, três compartimentos foram analisados: solo, rizosfera e endosfera; estes dois últimos oriundos da raiz. Para tanto, o processamento das amostras de raízes para posterior extração de DNA ocorreu em duas etapas. A primeira ocorreu para que haja a separação da rizosfera, definida por Hiltner (1904) como a região do solo influenciada pelas raízes (HARTMANN; ROTHBALLER; SCHMID, 2008) que se estende desde a superfície radicular até 1-3 mm do solo adjacente (MOREIRA; SIQUEIRA, 2002; WILLADINO *et al.*, 2005). A segunda etapa foi realizada para a obtenção da endosfera, região compreendida pelo interior dos tecidos vegetais (BARBOSA *et al.*, 2015).

Figura 8 - Fluxograma do processamento das amostras para as análises moleculares



Fonte: elaborado pela autora (2023).

A Figura 8 traz um fluxograma de como ocorreu o processamento das amostras para a obtenção da rizosfera, da endosfera e do solo, para posterior extração de DNA nesses compartimentos.

6.4.1 Obtenção da Rizosfera

A obtenção da rizosfera foi adaptada dos trabalhos de Duran *et al.*, (2018) e Sun *et al.*, (2021), consistindo basicamente em transferir as raízes para frascos estéreis e livres de DNase, RNase e pirogênicos e adicionar 35 mL de tampão fosfato de sódio (10 mM) com 0,01% de Tween 20 previamente esterilizado. Em seguida, agitou-se os tubos por 2 minutos no vortex, para soltar as partículas de solo aderidas às raízes (rizosfera), e as raízes foram transferidas para novos tubos. As raízes foram armazenadas em congelador para posterior obtenção da endosfera. Os tubos com líquido, contendo a rizosfera, foram agitados por mais 2 minutos, e depois centrifugados a 3000 g por 5 minutos em temperatura ambiente. Após isso, descartou-se o sobrenadante e realizou-se a lavagem da rizosfera precipitada com tampão fosfato de sódio sem o surfactante Tween 20. A suspensão foi transferida para um microtubo estéril de plástico e centrifugada a 13000 g por 5 minutos em temperatura ambiente. Descartou-se novamente o sobrenadante, escorreu-se os tubos em papel toalha e o pellet que restou no microtubo foi armazenado a -20°C .

6.4.2 Obtenção da Endosfera

A obtenção da endosfera foi adaptada dos trabalhos de Duran *et al.* (2018) e Sun *et al.* (2021). As raízes separadas da rizosfera foram colocadas em frascos estéreis e livres de DNase, RNase e pirogênicos, com 35 mL de solução de hipoclorito de sódio 0,25% e agitadas por 2 minutos em um vortex. Em seguida, descartou-se o líquido, adicionou-se 35 mL de etanol (EtOH) 70%, prosseguindo-se a agitação por mais 2 minutos no vortex. O líquido foi descartado e foram adicionados 35 mL de água estéril, seguido de mais 2 minutos de agitação. Esse passo foi repetido por mais duas vezes de forma a higienizar a superfície externa das raízes. Em seguida, as raízes foram secas em papel toalha esterilizado e armazenadas em tubos de plástico estéreis, que foram congelados a -20°C até o próximo passo.

Em seguida, ocorreu a trituração das amostras de raiz, que consistiu em descongelar e fragmentar as raízes em pedaços menores (aproximadamente 5 mm) com o auxílio de tesoura cirúrgica e pinça previamente esterilizadas. Os fragmentos de raízes foram colocados em um almofariz esterilizado, onde foram macerados e pulverizados em nitrogênio líquido com o auxílio de um pistilo esterilizado. As amostras maceradas foram armazenadas em um microtubo estéril e congeladas a -20°C. Todos os materiais utilizados nesse processo passaram por uma sequência de limpeza, com solução de hipoclorito de sódio 0,25%, álcool 70% e água destilada esterilizada, os quais foram limpos antes e após o processamento de cada amostra para impedir a contaminação do material com materiais externos ou entre amostras (Adaptado de DURAN *et al.*, 2018 e SUN *et al.*, 2021).

6.5 Extração e Amplificação de DNA

O DNA total de todas as amostras de rizosfera e do solo foi extraído utilizando o kit comercial DNeasy PowerSoil Pro (Qiagen, MD, EUA), conforme protocolo estabelecido pelo fabricante. Já a extração do DNA total das amostras de endosfera foi realizada utilizando o kit comercial DNeasy Power Plant Pro (Qiagen, MD, EUA), seguindo instruções do fabricante. A concentração e qualidade do DNA metagenômico extraído foi estimada por medida da absorbância em 230 nm (A230), 260 nm (A260) e 280 nm (A230) em um espectrofotômetro (Nanodrop Spectrophotometer Thermo Scientific, Waltham, MA, EUA). As amostras de DNA foram diluídas para 5 ng/μL para posterior amplificação.

A solução de DNA obtida para cada amostra foi armazenada em freezer a -20 °C até o uso. Após a confirmação da eficiência do isolamento do DNA metagenômico, foram

construídas bibliotecas metataxonômicas de amplicons baseados na região hiper variável ITS2 de Fungi.

6.6 Amplificação e construção da biblioteca de amplicons

Os pools de DNA metagenômico isolados de cada área foram utilizados como substratos para reações da polimerase em cadeia (PCR) para amplificação da região de hipervariabilidade ITS (Espaço Interno Transcrito).

A região ITS2 foi amplificada por meio de PCR (reação da polimerase em cadeia) utilizando os primers ITS86F (5'-GTGAATCATCGAATCTTTGAA-3') (WHITE; BRUNS; LEE; TAYLOR, 1990) e ITS4R (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') (TURENNE et al., 1999). A amplificação da PCR foi realizada em um volume de 30 µL contendo os primers, solução tampão (5x), MgCl₂ (25mM), dNTPs (10 mM), KAPA DNA polimerase (5U/µL), água ultrapura livre de nuclease (Promega, Madison, USA) e 10 ng de DNA metagenômico de cada amostra. A PCR foi realizada nas seguintes condições: uma desnaturação inicial a 95°C por 2 min, seguida por 35 ciclos a 95°C por 30 s, 55°C por 30 s e 72°C por 45 s, com uma extensão final em 72°C durante 5 min. Também foram incluídos e sequenciados PCR negativo e brancos para identificar possíveis problemas de contaminação.

Após o término e confirmação da amplificação por eletroforese em gel de agarose a 1,5%, os fragmentos foram purificados utilizando os beads de purificação Agentcourt AMPure XP-PCR (Beckman Coulter, EUA). Em seguida, os fragmentos foram submetidos a uma nova PCR para a inserção dos identificadores de sequenciamento (indexes) Illumina usando o Kit Nextera XT Index (Illumina, San Diego, USA), após isso foram purificados novamente usando Ampure XP beads e quantificados através de fluorimetria, utilizando o kit dsDNA BR kit (Thermo Fisher Scientific Waltham, USA) em fluorímetro QubitTM (Invitrogen, Carlsbad, USA). Quantidades equimolares de cada uma das amostras indexadas foram misturadas em uma única solução para a introdução no sequenciador.

Tabela 4 - Sequências de oligonucleotídeos para primers que foram utilizados neste estudo

Região genômica alvo	Primers	Sequências (5' - 3')	Referência
ITS2	ITS86F	TCGTCGGCAGCGTC AGATGTGTATAAGA GACAGGTGAATCAT CGAATCTTTGAA	(WHITE; BRUNS; LEE; TAYLOR, 1990)
ITS2	ITS4R	GTCTCGTGGGCTCG GAGATGTGTATAAG AGACAGTCCTCCGC TTATTGATATGC	(TURENNE et al., 1999)

Fonte: Adaptado de VANCOV; KEEN, (2009).

6.7 Sequenciamento de fase sólida na plataforma Illumina HiSeq

As amostras foram sequenciadas na plataforma HiSeq System (Illumina, EUA), utilizando-se o NextSeq™1000/2000 P1 Reagents (600 ciclos) (Illumina, EUA), de acordo com as especificações do fabricante. O sequenciamento foi realizado nos dois sentidos (paired-end), com 250 ciclos de sequenciamento para cada fita, no Centro de Genômica e Bioinformática (CEGENBIO) do Núcleo de Pesquisa e Desenvolvimento de Medicamentos (NPDM), da Universidade Federal do Ceará.

6.8 Análise de dados

Os 107 conjuntos de dados obtidos no sequenciamento foram analisados utilizando ferramentas de bioinformática no RStudio (versão 4.3.3; R Core Team, 2022). Inicialmente, a partir dos dados brutos, primers e sequências adaptadoras foram removidas de arquivos fastq demultiplexados utilizando o Cutadapt v1.8 (MARTIN, 2011) e a qualidade das sequências foi avaliada utilizando o FastQC v.0.11.8 (ANDREWS, 2012) e o vsearch v2.10.4 (ROGNES *et al.*, 2016). As demais análises foram realizadas no ambiente R, seguindo o pipeline DADA2 até obter-se variantes de sequências de amplicons não-quiméricos (ASVs; do inglês, *amplicon sequence variants*; i.e., sequências que diferem apenas um nucleotídeo umas das outras) (CALLAHAN; MCMURDIE; HOLMES, 2017).

A classificação taxonômica foi realizada de acordo com o banco de dados UNITE 9.0 (release data 2023-07-18) (ABARENKOV *et al.*, 2023). Para as análises do microbioma, foi utilizado o pacote Phyloseq (v1.46.0) em conjunto com os pacotes Ggplot2 e Vegan,

dentre outros, para realizar análises de alfa e beta diversidade, assim como as análises estatísticas descritivas e multivariadas.

Após um teste de Shapiro-Wilk, os dados abióticos se mostraram não paramétricas, e as médias das mensurações foram comparadas utilizando-se o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis. Os dados ambientais foram comparados analisados utilizando uma Análise de Componentes Principais (PCA), com as medidas transformadas para $\log(x+1)$, exceto para o pH.

Para avaliação da alfa diversidade, os estimadores calculados foram testados quanto à sua normalidade utilizando um teste de Shapiro-Wilk. Como todas as medidas se mostraram não paramétricas, prosseguiu-se com o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis.

Para visualizar e interpretar as relações entre as amostras, os dados foram ordenados por meio do Escalonamento Multidimensional Não-Métrico (NMDS; do inglês *Non-metric Multidimensional Scaling*) utilizando os dados de ASV, i.e., o menor nível taxonômico possível de classificação. Optamos por apresentar os dados entre os compartimentos e as três áreas de estudo, pois os demais testes realizados, usando outras variáveis, apresentaram resultados semelhantes. Essa técnica nos permite visualizar a similaridade ou dissimilaridade entre amostras biológicas com base em dados de perfil molecular, como por exemplo, composição microbiana (CLARKE, 1993).

Para a visualização de diversidade beta, foi calculada uma matriz de dissimilaridade de Bray-Curtis, com base na abundância relativa das ASVs transformada para raiz quadrada ($\text{stress}=0.1998554$). Para gerar os gráficos de Venn, foram utilizadas matrizes de presença e ausência de gêneros para cada um dos três compartimentos analisados, as quais foram plotadas utilizando o pacote ggVennDiagram. Todas as estatísticas foram realizadas usando o pacote Vegan v2.6.4, e os gráficos gerados usando Ggplot2 v3.5.0, dentre outros pacotes.

7 RESULTADOS

7.1 Caracterização dos fatores abióticos

A área de estudo, de acordo com o delineamento amostral, foi caracterizada abioticamente com temperatura, salinidade, pH, matéria orgânica, fração silte-argila, classificação granulométrica do solo, teor de umidade, conteúdo de fósforo, ferro I (ferro em estado de oxidação com carga +1; é raro e instável), ferro III (ferro em estado de oxidação com carga +3; é comum e estável) (PEHKONEN, 1995) e grau de piritização mensurados em amostras de solo (108) das três áreas de estudo (Área 1 - Cofeco, Área 2 - CEAC e Área 3 - River Park) durante as três campanhas realizadas (períodos chuvoso, transição e seco) no ano de 2022 estão apresentados abaixo.

Os valores da temperatura do ar foram medidos apenas nas estações de transição e seca (campanhas 2 e 3). Os valores encontrados não apresentaram diferenças significativas entre uma estação e outra. No período de transição entre as estações chuvosa e seca, a temperatura variou de 24,8 a 30,4°C. Na estação seca, a temperatura foi de 25,4 a 30,9°C.

Figura 9 - Temperatura do ar durante o período de estudo. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE). Transectos: T1 - Transecto 1, T2 - Transecto 2; T3 - Transecto 3. Parcelas: P1 - Parcela 1; P2 - Parcela 2; P3 - Parcela 3.

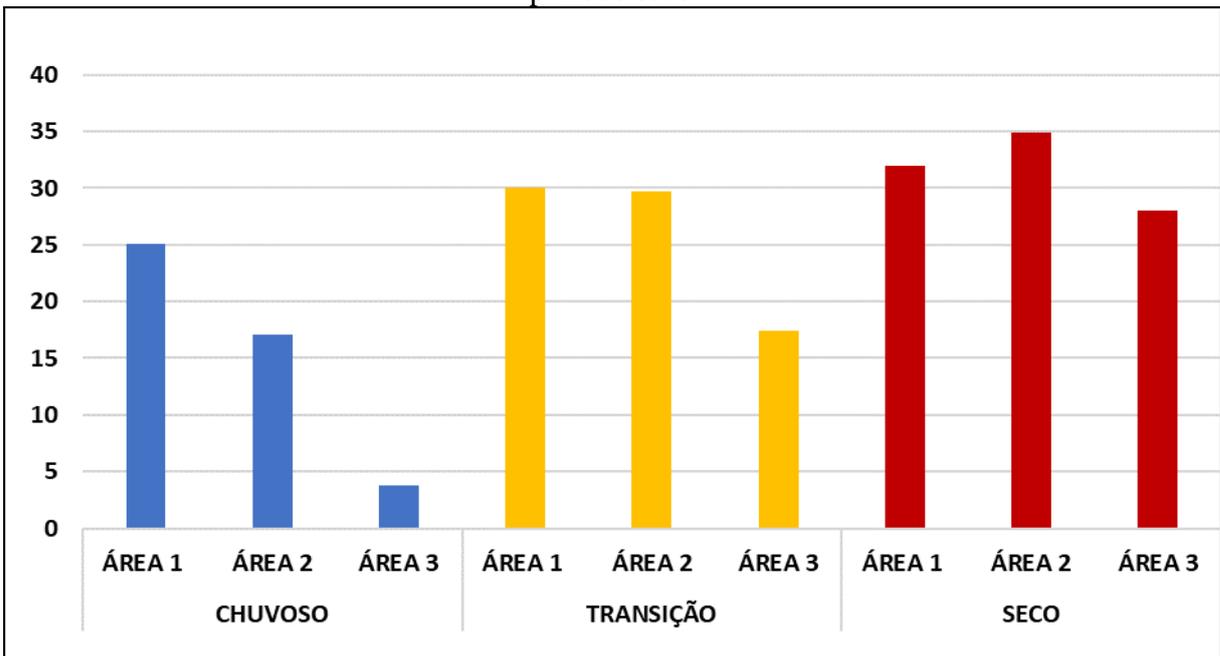


Fonte: elaborado pela autora (2023).

Avaliando-se os dados de salinidade espacialmente, foi observado um gradiente de salinidade variando de forma decrescente da área 1, região mais próxima à foz, em direção

a área 3, região mais à montante. Dessa forma, os valores médios de salinidade foram maiores na área 1, exceto na estação seca. A área 2 apresentou valores de salinidade maiores que a área 1 e menores que a área 3 na estação seca. Os valores médios encontrados na área 3 foram menores que as outras áreas. Em geral, os resultados encontrados refletem as condições de salinidade encontradas em estudos realizados anteriormente em manguezais localizados na região semiárida brasileira, com salinidades que aumentam em direção à jusante no período chuvoso e uma tendência temporal de aumento de salinidade no período seco devido à elevada evapotranspiração, baixo fluxo fluvial e elevada intrusão salina (COLARES, 2014; BEZERRA, 2015; TAVARES, 2021). Essa tendência pode ser intensificada à montante, num fenômeno conhecido como hipersalinidade (BARROSO *et al.*, 2018); porém isso não foi observado.

Figura 10 - Valores médios de salinidade medidos durante o período de estudo. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE). C = período chuvoso; T = transição entre períodos chuvoso e seco; e S = período seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Em geral, o pH do solo de todas as áreas analisadas é neutro a levemente alcalino, exceto na área 2 durante o período de transição e na área 3 durante o período seco, onde o pH variou de levemente ácido a levemente alcalino.

Tabela 5 – Valores médios de pH das áreas de estudo nos diferentes períodos de amostragem. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE); T1 – transecto 1; T3 – transecto 3; P1 – parcela 1; P3 – parcela 3.

<i>Amostra</i>	<i>Campanha (Área)</i>	<i>pH</i>
A1T1P1	Chuvoso (Cofeco)	7,39
A1T1P3	Chuvoso (Cofeco)	7,51
A1T3P1	Chuvoso (Cofeco)	7,73
A1T3P3	Chuvoso (Cofeco)	7,44
A2T1P1	Chuvoso (CEAC)	7,68
A2T1P3	Chuvoso (CEAC)	7,19
A2T3P1	Chuvoso (CEAC)	6,76
A2T3P3	Chuvoso (CEAC)	6,77
A3T1P1	Chuvoso (River Park)	7,23
A3T1P3	Chuvoso (River Park)	6,82
A3T3P1	Chuvoso (River Park)	7,03
A3T3P3	Chuvoso (River Park)	7,21
A1T1P1	Transição (Cofeco)	7,76
A1T1P3	Transição (Cofeco)	7,59
A1T3P1	Transição (Cofeco)	7,96
A1T3P3	Transição (Cofeco)	7,73
A2T1P1	Transição (Cofeco)	7,22
A2T1P3	Transição (CEAC)	5,85
A2T3P1	Transição (CEAC)	5,49
A2T3P3	Transição (CEAC)	5,78
A3T1P1	Transição (River Park)	6,90
A3T1P3	Transição (River Park)	6,88
A3T3P1	Transição (River Park)	6,76
A3T3P3	Transição (River Park)	7,22
A1T1P1	Seco (Cofeco)	7,46
A1T1P3	Seco (Cofeco)	6,92
A1T3P1	Seco (Cofeco)	6,93
A1T3P3	Seco (Cofeco)	7,46
A2T1P1	Seco (CEAC)	6,68
A2T1P3	Seco (CEAC)	6,63

A2T3P1	Seco (CEAC)	6,28
A2T3P3	Seco (CEAC)	6,52
A3T1P1	Seco (River Park)	7,18
A3T1P3	Seco (River Park)	5,16
A3T3P1	Seco (River Park)	7,46
A3T3P3	Seco (River Park)	6,99

Fonte: elaborado pela autora (2024).

Quanto a classificação dos sedimentos, conforme observamos na Tabela 6, esta variou entre areia muito fina e fina, tendo a área 1 sido classificada como areia fina, independente do período de coleta. A área 2 foi classificada como areia muito fina nas coletas dos períodos chuvoso e de transição, e no período seco foi classificada como areia fina, com destaque para o percentual de silte que foi reduzido em cerca de 50% na seca em relação às outras coletas. Já a área 3 foi classificada com areia fina no período chuvoso e areia fina/muito fina nos períodos de transição e seco.

Tabela 6 - Classificação granulométrica das áreas de estudo. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)

Período/ Área	Classificação	% Cascalho	% Areia	% Silte
Chuvoso (COFECO)	Areia fina	0,67	74,40	24,93
Transição (COFECO)	Areia fina	1,21	64,19	34,60
Seco (COFECO)	Areia fina	0,36	75,14	24,49
Chuvoso (CEAC)	Areia muito fina	0,37	76,32	23,30
Transição (CEAC)	Areia muito fina	0,22	74,31	25,47
Seco (CEAC)	Areia fina	0,59	87,35	12,05
Chuvoso (RIVER PARK)	Areia fina	5,14	58,86	36,00
Transição (RIVER PARK)	Areia fina / muito fina	1,73	58,78	39,49
Seco (RIVER PARK)	Areia fina / muito fina	3,26	62,42	34,32

Fonte: elaborado pela autora (2023).

Classificado de acordo com o diagrama triangular de Shepard (1954).

As tabelas 7, 8 e 9 apresentam os teores médios de matéria orgânica encontrados nas áreas de estudo nas três estações analisadas. A área 1 apresentou no período chuvoso um

teor de matéria orgânica variando entre 33-107 g/Kg. Nas estações de transição e seca os valores foram, respectivamente, 73-180g/Kg e 34-113 g/Kg. Na área 2, os valores encontrados nas três estações foi, 31-103 g/Kg para a estação chuvosa, 35-101 g/Kg para o período de transição, e 28-81 g/Kg para o período seco. Já na área 3, os valores foram de 25-180 g/Kg, no período chuvoso, 23-177 g/Kg para o período de transição e 16-165 g/Kg para o período seco. Em geral, a área 3 apresenta uma tendência de maiores teores de matéria orgânica, enquanto a área 2 apresenta a tendência de menores teores de matéria orgânica. Os resultados encontrados revelam uma grande variação no conteúdo de matéria orgânica nos sedimentos em todas as áreas e períodos analisados, estando de acordo com valores encontrados em estudos anteriores (COLARES, 2014; BEZERRA, 2015).

Tabela 7 -Valores médios de matéria orgânica obtidos durante o período chuvoso. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)

Campanha / Área	Transecto	Parcela	Réplica	Matéria Orgânica (g/Kg)
Chuvoso (COFECO)	1	1	1	80,292
Chuvoso (COFECO)	1	1	2	85,833
Chuvoso (COFECO)	1	2	1	69,630
Chuvoso (COFECO)	1	2	2	74,884
Chuvoso (COFECO)	1	3	1	41,118
Chuvoso (COFECO)	1	3	2	43,829
Chuvoso (COFECO)	3	1	1	103,651
Chuvoso (COFECO)	3	1	2	107,786
Chuvoso (COFECO)	3	2	1	94,102
Chuvoso (COFECO)	3	2	2	58,979
Chuvoso (COFECO)	3	3	1	59,179
Chuvoso (COFECO)	3	3	2	33,248
Chuvoso (CEAC)	1	1	1	43,311
Chuvoso (CEAC)	1	1	2	43,068

Chuvoso (CEAC)	1	2	1	99,533
Chuvoso (CEAC)	1	2	2	56,554
Chuvoso (CEAC)	1	3	1	49,175
Chuvoso (CEAC)	1	3	2	103,586
Chuvoso (CEAC)	3	1	1	51,797
Chuvoso (CEAC)	3	1	2	42,578
Chuvoso (CEAC)	3	2	1	35,830
Chuvoso (CEAC)	3	2	2	75,860
Chuvoso (CEAC)	3	3	1	49,171
Chuvoso (CEAC)	3	3	2	31,873
Chuvoso (RIVER PARK)	1	1	1	180,731
Chuvoso (RIVER PARK)	1	1	2	154,821
Chuvoso (RIVER PARK)	1	2	1	164,329
Chuvoso (RIVER PARK)	1	2	2	108,240
Chuvoso (RIVER PARK)	1	3	1	26,547
Chuvoso (RIVER PARK)	1	3	2	75,743
Chuvoso (RIVER PARK)	3	1	1	126,740
Chuvoso (RIVER PARK)	3	1	2	161,908
Chuvoso (RIVER PARK)	3	2	1	157,378
Chuvoso (RIVER PARK)	3	2	2	52,459
Chuvoso (RIVER PARK)	3	3	1	25,845
Chuvoso (RIVER PARK)	3	3	2	30,483

Fonte: elaborado pela autora (2023).

Tabela 8 - Valores médios de matéria orgânica obtidos durante o período de transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)

Campanha / Área	Transecto	Parcela	Réplica	Matéria Orgânica (g/Kg)
Transição (COFECO)	1	1	1	87,271
Transição (COFECO)	1	1	2	98,611
Transição (COFECO)	1	2	1	73,705
Transição (COFECO)	1	2	2	78,956
Transição (COFECO)	1	3	1	92,167
Transição (COFECO)	1	3	2	73,138
Transição (COFECO)	3	1	1	75,333
Transição (COFECO)	3	1	2	86,544
Transição (COFECO)	3	2	1	77,839
Transição (COFECO)	3	2	2	94,827
Transição (COFECO)	3	3	1	167,910
Transição (COFECO)	3	3	2	180,372
Transição (CEAC)	1	1	1	35,193
Transição (CEAC)	1	1	2	41,247
Transição (CEAC)	1	2	1	70,376
Transição (CEAC)	1	2	2	101,074
Transição (CEAC)	1	3	1	91,333
Transição (CEAC)	1	3	2	77,674
Transição (CEAC)	3	1	1	44,484
Transição (CEAC)	3	1	2	96,972
Transição (CEAC)	3	2	1	71,090
Transição (CEAC)	3	2	2	41,221

Transição (CEAC)	3	3	1	39,818
Transição (CEAC)	3	3	2	32,667
Transição (RIVER PARK)	1	1	1	177,958
Transição (RIVER PARK)	1	1	2	167,446
Transição (RIVER PARK)	1	2	1	160,569
Transição (RIVER PARK)	1	2	2	40,550
Transição (RIVER PARK)	1	3	1	28,588
Transição (RIVER PARK)	1	3	2	23,205
Transição (RIVER PARK)	3	1	1	147,400
Transição (RIVER PARK)	3	1	2	148,667
Transição (RIVER PARK)	3	2	1	156,796
Transição (RIVER PARK)	3	2	2	102,539
Transição (RIVER PARK)	3	3	1	41,835
Transição (RIVER PARK)	3	3	2	24,554

Fonte: elaborado pela autora (2023).

Tabela 9 - Valores médios de matéria orgânica obtidos durante o período seco. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)

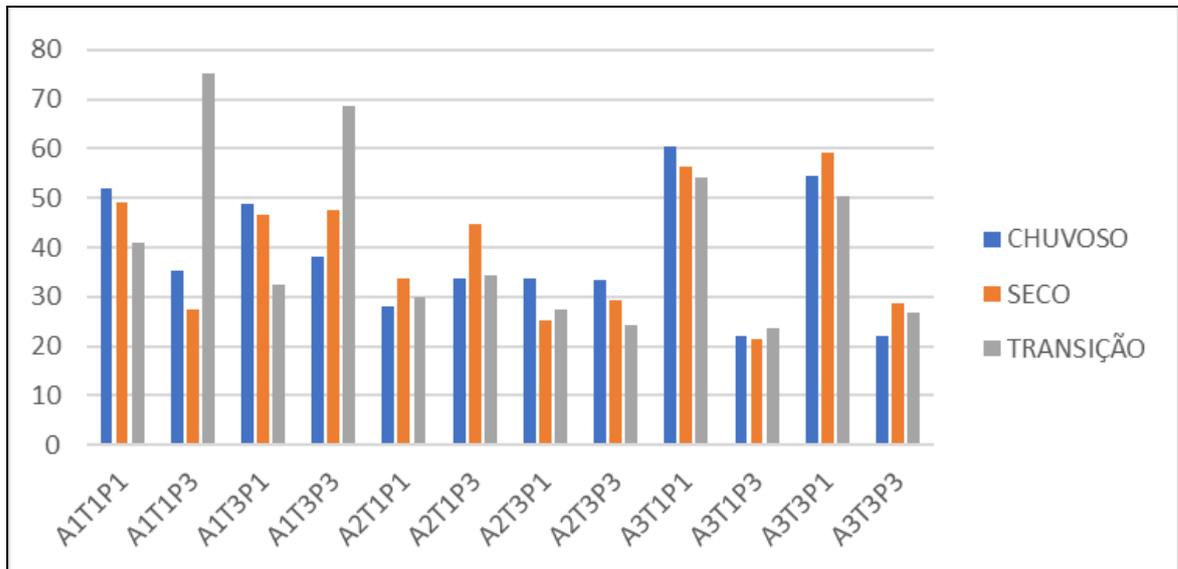
Campanha / Área	Transecto	Parcela	Réplica	Matéria Orgânica (g/Kg)
Seco (COFECO)	1	1	1	111,790
Seco (COFECO)	1	1	2	113,474
Seco (COFECO)	1	2	1	76,353
Seco (COFECO)	1	2	2	67,862
Seco (COFECO)	1	3	1	59,061
Seco (COFECO)	1	3	2	34,550
Seco (COFECO)	3	1	1	65,158
Seco	3	1	2	66,986

(COFECO)				
Seco (COFECO)	3	2	1	46,580
Seco (COFECO)	3	2	2	57,111
Seco (COFECO)	3	3	1	59,917
Seco (COFECO)	3	3	2	52,513
Seco (CEAC)	1	1	1	37,855
Seco (CEAC)	1	1	2	39,683
Seco (CEAC)	1	2	1	68,530
Seco (CEAC)	1	2	2	59,789
Campanha 3 (CEAC)	1	3	1	61,053
Seco (CEAC)	1	3	2	44,459
Seco (CEAC)	3	1	1	81,052
Seco (CEAC)	3	1	2	29,251
Seco (CEAC)	3	2	1	66,222
Seco (CEAC)	3	2	2	50,501
Seco (CEAC)	3	3	1	28,491
Seco (CEAC)	3	3	2	36,473
Seco (RIVER PARK)	1	1	1	164,113
Seco (RIVER PARK)	1	1	2	165,101
Seco (RIVER PARK)	1	2	1	60,346
Seco (RIVER PARK)	1	2	2	53,119
Seco (RIVER PARK)	1	3	1	37,279
Seco (RIVER PARK)	1	3	2	31,895
Seco (RIVER PARK)	3	1	1	102,263
Seco (RIVER PARK)	3	1	2	147,513
Seco (RIVER PARK)	3	2	1	129,889
Seco (RIVER PARK)	3	2	2	139,528
Seco (RIVER PARK)	3	3	1	16,608
Seco (RIVER PARK)	3	3	2	39,205

Fonte: elaborado pela autora (2023).

Os resultados de umidade do solo mostram que a área 3 possui maior teor de umidade e a área 2, menor teor de umidade. A área 2 possui uma topografia diferente das demais áreas de estudo, pois existe uma faixa de terra entre o rio e a vegetação de mangue. Dessa forma, o contato com a água é menor, e isso reflete na umidade do solo. Na área 3, pudemos observar as parcelas 1, mais próximas ao rio, geralmente tem maior teor de umidade que as parcelas 3 (Figura 11). Em geral, não houve muita variação nos teores de umidade considerando os períodos analisados, o que podemos atribuir ao volume de chuva acima da média histórica ocorrida em 2022.

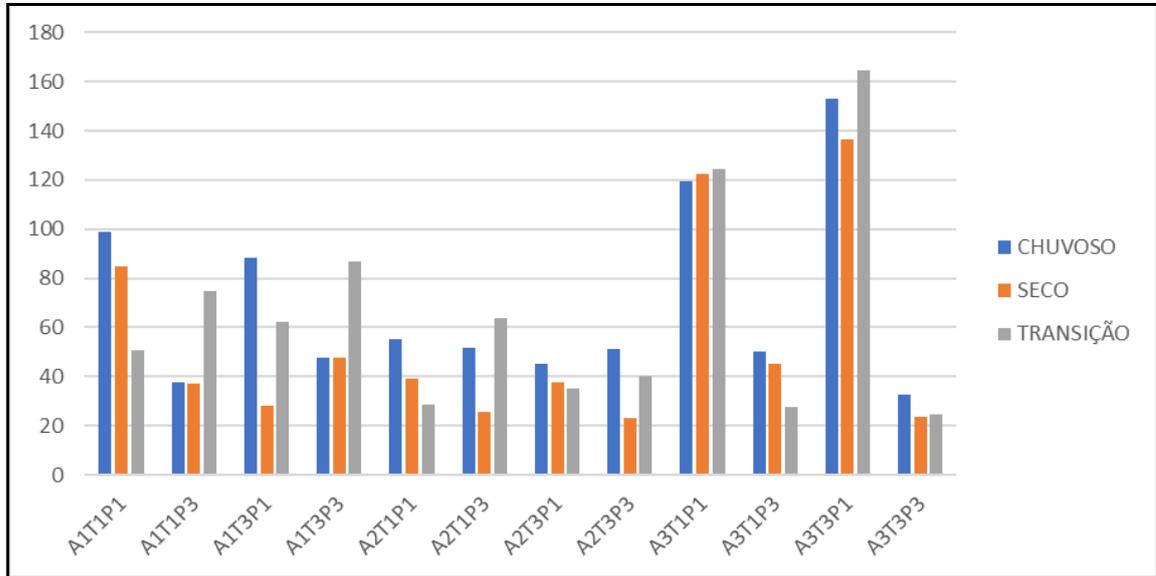
Figura 11 - Teor de umidade no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)



Fonte: elaborado pela autora (2024).

A quantidade de ferro reativo encontrada nos sedimentos analisados foi maior no período chuvoso ($830,87 \mu\text{mol/g}$) em comparação com o período seco ($650,33 \mu\text{mol/g}$). Além disso, a área 3 possui o maior conteúdo de ferro reativo e a área 2 o menor conteúdo. O mesmo ocorre com as parcelas 1 em relação as parcelas 3. Encontramos maior quantidade de ferro reativo nas parcelas 1 de cada área analisada quando comparado com as parcelas 3.

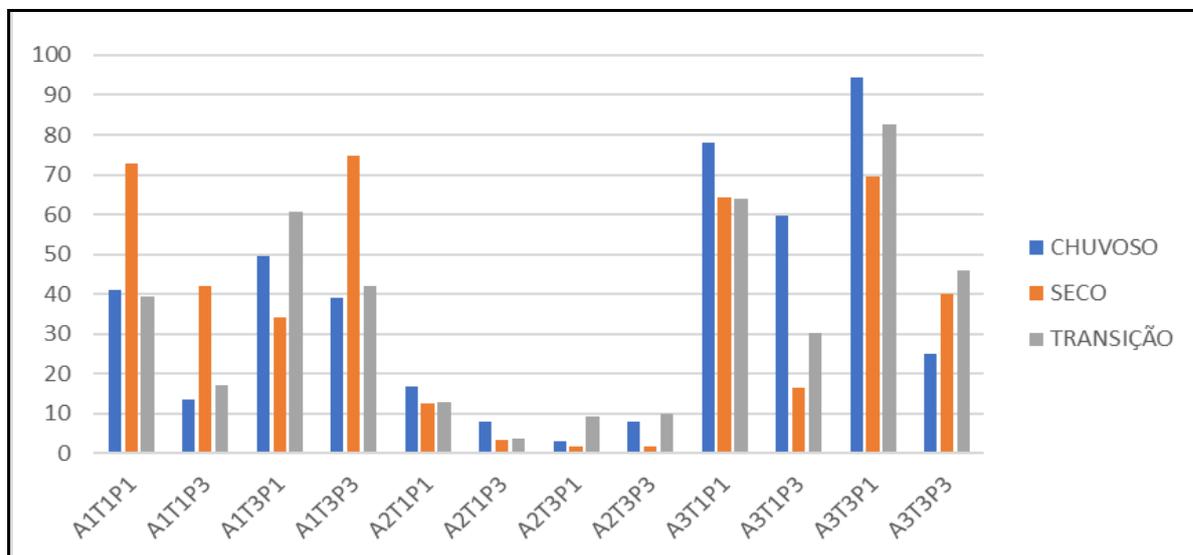
Figura 12- Fe reativo ($\mu\text{mol/g}$) no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)



Fonte: elaborado pela autora (2024).

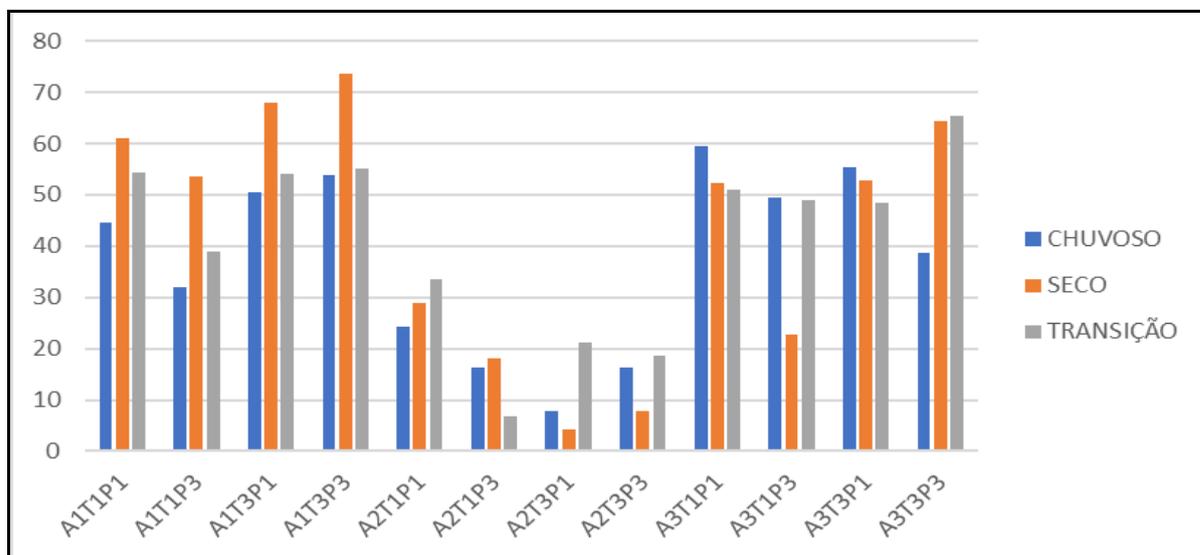
Ao contrário do ferro reativo, a quantidade de ferro pirítico não variou muito entre os períodos de chuva ($436,3 \mu\text{mol/g}$), transição ($417,8 \mu\text{mol/g}$) e seca ($433,8 \mu\text{mol/g}$). Porém, assim como o ferro reativo, a pirita foi encontrada em maiores quantidades na área 3 e em menores quantidades na área 2. E as parcelas 1 das áreas estudadas também apresentaram maiores proporções de pirita que as parcelas 3. O teor de piritização (DOP) foi maior na área 3 e menor na área 2. Esse resultado era esperado uma vez que ele é dependente das quantidades de ferro reativo e pirita encontrados. O DOP praticamente não variou entre os períodos de seca e transição, porém foi menor na estação chuvosa.

Figura 13- Fe pirítico ($\mu\text{mol/g}$) no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Figura 14- Teor de piritização (DOP) (%) no solo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)

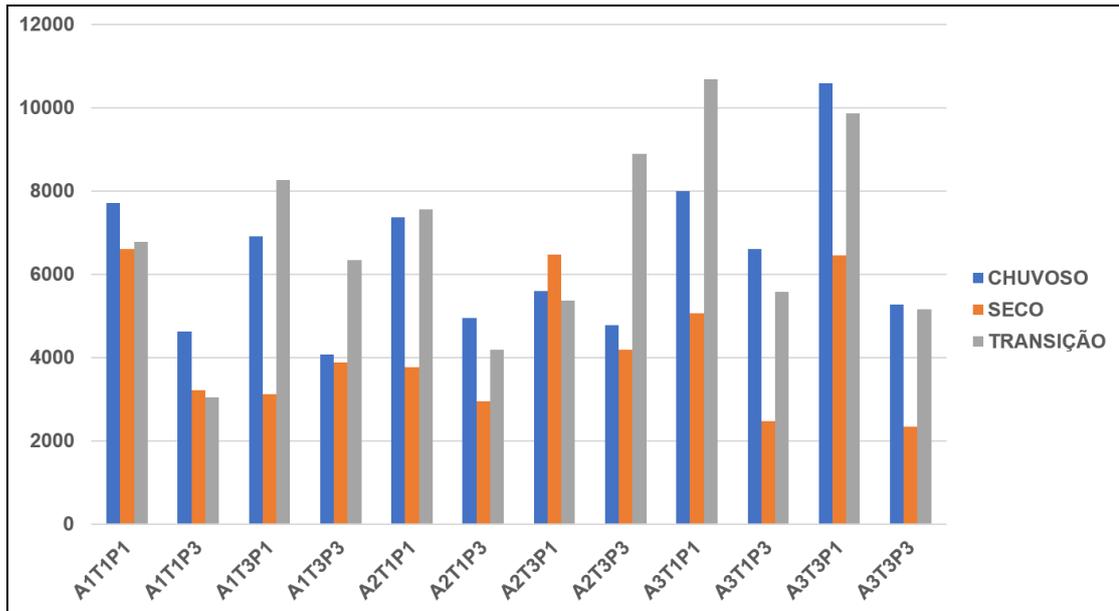


Fonte: elaborado pela autora (2024).

Os dados de conteúdo de fósforo indicam que, nos períodos analisados, ocorreu maior aporte de fósforo para as áreas de estudo na transição entre a estação chuvosa e a seca, e menor aporte de fósforo na seca. Quando analisamos os dados levando em conta cada área

de estudo, a área 3 recebeu maior aporte de fósforo (115.661,19 mg P Kg⁻¹ solo). A área 1 teve aporte de 98.437,74 mg P Kg⁻¹ solo e a área 2 recebeu 97.795,43 mg P Kg⁻¹ solo.

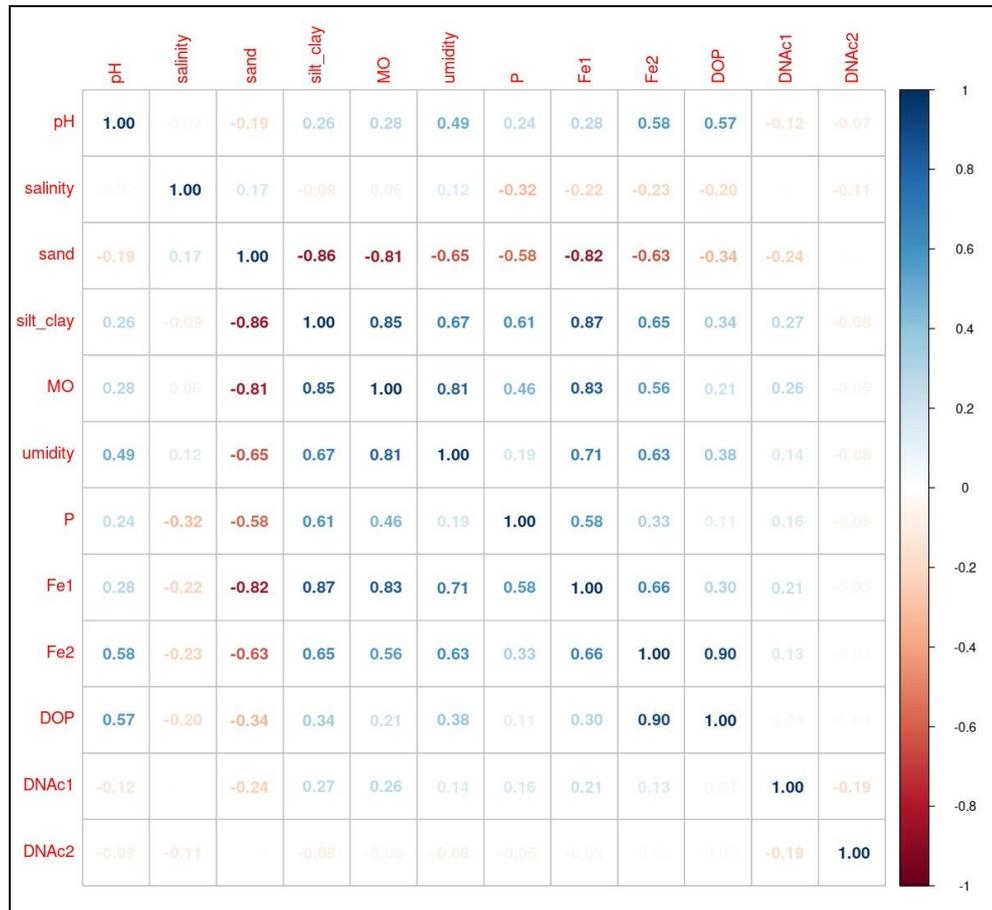
Figura 15 – Aporte de fósforo nos períodos chuvoso, seco e transição. Áreas de estudo: A1 - Cofeco (Fortaleza, CE); A2 - CEAC (Eusébio, CE); A3 - Loteamento River Park (Aquiraz, CE)



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Realizamos uma análise de correlação de Pearson ($p < 0,05$), onde foram identificadas várias correlações significativas, tanto negativas quanto positivas, entre as variáveis analisadas.

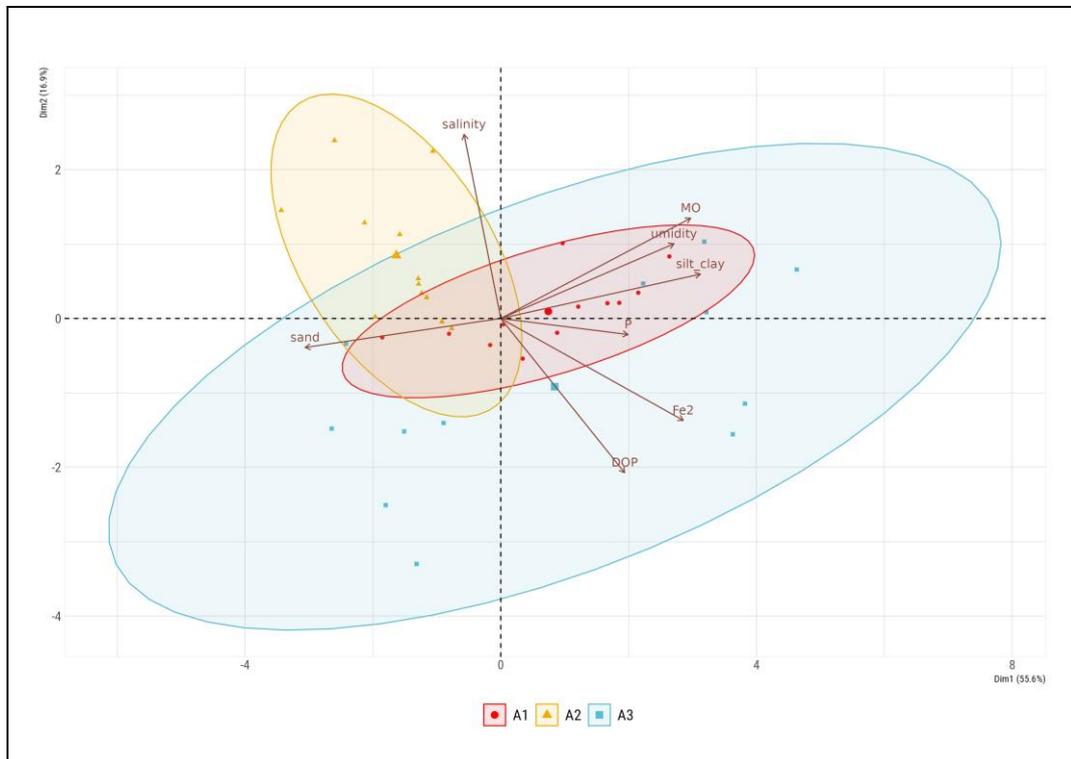
O teor de areia possui correlação fortemente negativa com diversas variáveis, incluindo o silte-argila (-0,86), a matéria orgânica (-0,81) e o ferro reativo (-0,82). Isso significa que, à medida que o teor de areia aumenta, há uma tendência correspondente de diminuição nas concentrações dessas variáveis. O conteúdo de silte-argila possui correlação direta com o teor de matéria orgânica (0,85) e o ferro reativo (0,87). Isso indica que, conforme o conteúdo de silte-argila aumenta, há uma tendência correspondente de aumento nos teores de matéria orgânica e ferro reativo. Além disso, o teor de matéria orgânica tem correlação positiva com a umidade (0,81) e o ferro reativo (0,83). Finalmente, a quantidade de ferro pirítico possui uma forte correlação positiva com o teor de piritização (DOP) (0,90), pois o teor de ferro pirítico é utilizado para calcular o DOP.

Figura 16 - Análise de correlação de Pearson (r)

Fonte: elaborado pela autora (2024).

Para identificar os principais fatores ambientais que dirigem as diferenças entre três áreas de estudo, realizamos uma análise de componentes principais (PCA). Inicialmente, empregamos todos os componentes ambientais disponíveis. Em seguida, refinamos o resultado em uma segunda PCA, retirando variáveis correlacionadas, conforme apresentado na figura 17.

Figura 17 – Análise de Componentes Principais (PCA) dos fatores ambientais significativamente relacionados para caracterização das áreas de estudo. A1 - Cofeco; A2 - CEAC; A3 - River Park



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Observamos que as áreas 1 e 3 apresentam correlações significativas com a quantidade de matéria orgânica, teor de umidade, silte-argila, fósforo, ferro pirítico e teor de piritização (DOP). Por outro lado, a área 2 está correlacionada principalmente com a salinidade e quantidade de areia. A análise de componentes principais conseguiu explicar 72,5% da variação observada nas amostras. O primeiro componente principal (eixo 1) representa 55,6% da variação dos dados, enquanto o segundo componente principal (eixo 2) representa 16,9%. É notável a clara distinção entre as amostras das áreas 1 e 3 quando comparadas com as da área 2, sugerindo distintos perfis ambientais em cada uma dessas regiões.

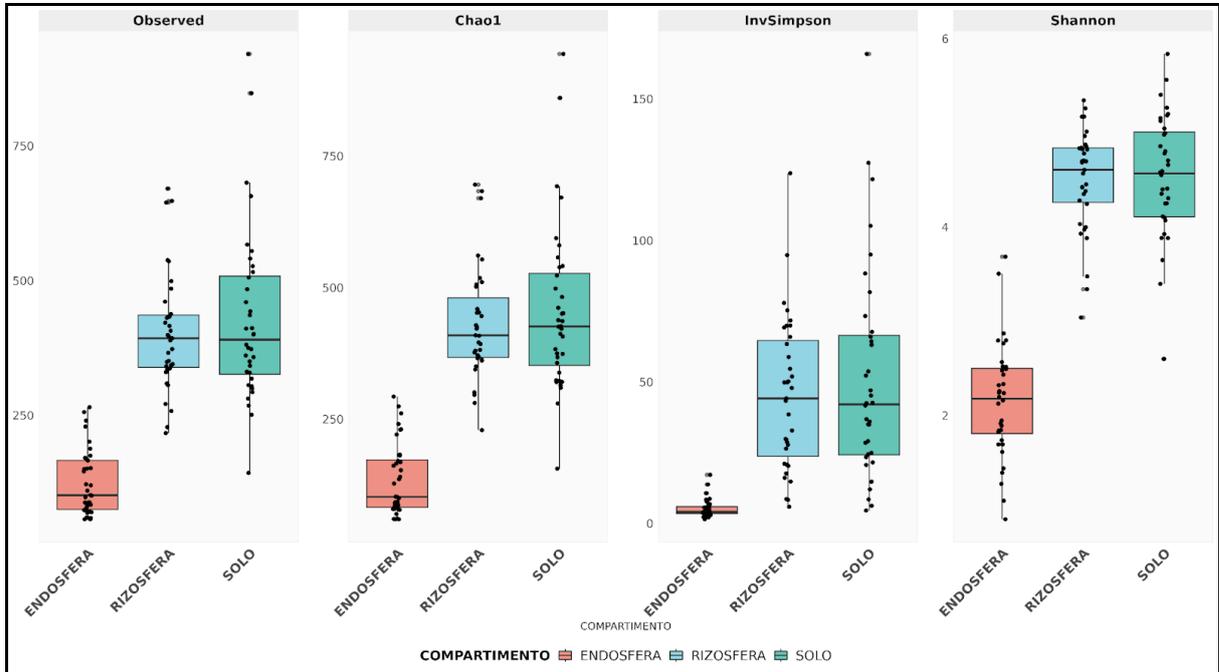
7.2 Caracterização biológica

7.2.1 Alfa diversidade

Analisamos as comunidades fúngicas de 107 amostras, as quais se originaram dos compartimentos da endosfera (36), rizosfera (35) e solo (36), todas associadas às raízes de *Rhizophora mangle* em três áreas distintas de um manguezal. O sequenciamento de alto rendimento de amplicons do gene ITS 2 resultou em 33.096.632 sequências brutas. Após a filtragem dos dados, foram obtidas 19.073.462 sequências de alta qualidade. O conjunto de dados foi normalizado considerando um tamanho mínimo de sequências por amostra, resultando em 15.077 ASVs. Todas as amostras analisadas atingiram acima de 99% de cobertura de Good e as curvas de rarefação ficaram próximas de atingir assíntotas (com exceção da amostra A2T3P3, onde a curva ainda estava em crescimento, mas ainda assim atingiu cobertura de 99%), demonstrando que o sequenciamento e a amostragem capturaram adequadamente uma ampla diversidade de táxons dentro das amostras.

A fim de obter informações sobre os efeitos do compartimento, do período, da área e do transecto na riqueza e na diversidade fúngica, realizamos o teste de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$) com os itens citados anteriormente como fator fixo separadamente. As análises mostraram que a riqueza e diversidade alfa dos compartimentos do solo e da rizosfera são estatisticamente iguais, e a diversidade da endosfera é estatisticamente menor que a dos demais compartimentos, conforme indicado pelos índices de riqueza observada, Chao1, Shannon e Simpson (Figura 18). Não houve diferença significativa na riqueza e na diversidade fúngica ao analisarmos separadamente os períodos, as áreas e os transectos.

Figura 18: Box plots mostrando a riqueza (riqueza observada e Chao1) e diversidade alfa (índices de Shannon e Simpson) de comunidades fúngicas associadas à endosfera, rizosfera e solo



Fonte: elaborado pela autora (2024).

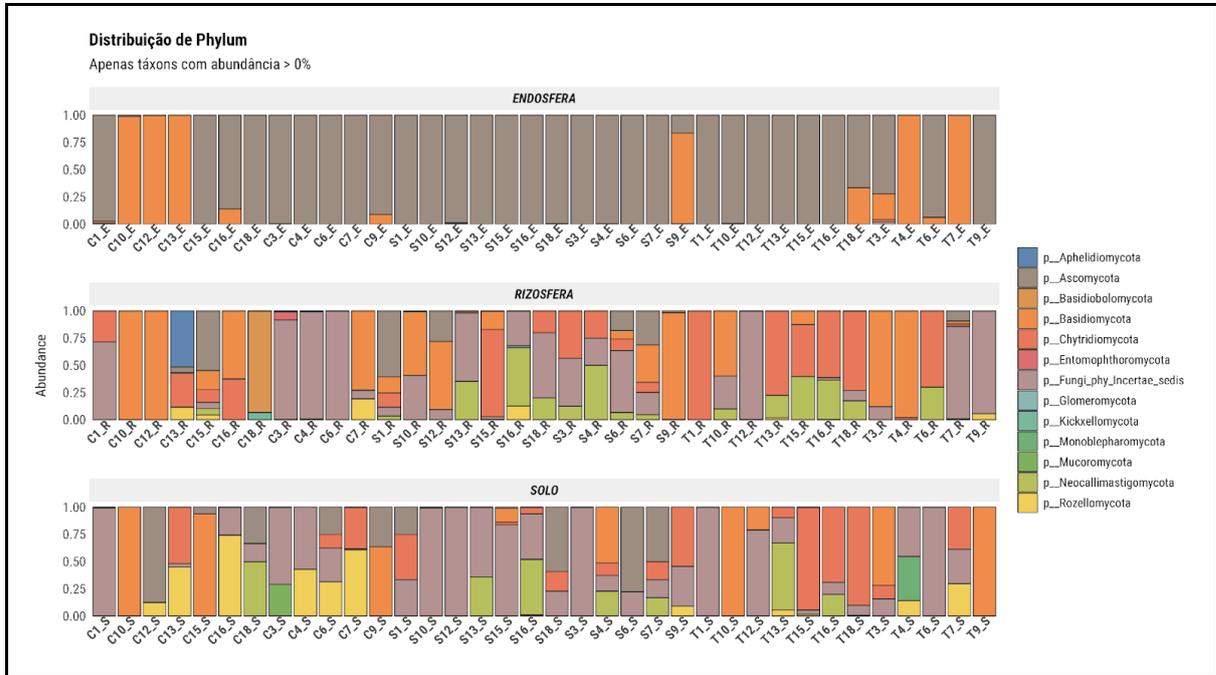
7.2.2 Diversidade Filogenética

Neste estudo, foram identificados um total de 13 filos fúngicos, 44 classes, 116 ordens, 261 famílias e 423 gêneros nas amostras estudadas. Em termos de ordens, famílias e gênero foram encontrados muitos táxons com baixa abundância, então optamos por apresentar os resultados considerando apenas os táxons, com abundância superior a 30%. Os demais táxons, com abundância abaixo do critério de escolha, foram apresentados como “outros”.

Ao comparar-se os compartimentos, a composição da endosfera foi distinta dos outros dois compartimentos, com o solo e a rizosfera apresentando composição de filos semelhantes. Nas amostras de solo e de rizosfera, os filos mais abundantes foram um grupo de fungos de classificação ainda em divergência atualmente (*Fungi Phy Incertae sedis*; 37% e 30%), Basidiomycota (17% e 26%) e Chytridiomycota (15% e 21%). O filo Ascomycota, um dos principais grupos de fungos, teve abundância de 11% e 6%. Já a endosfera, apresentou predominância dos filos Ascomycota (81%) e Basidiomycota (18%). (Figura 19).

Figura 19 - Distribuição de filões com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a:

C = período chuvoso, T = transição, S = seco

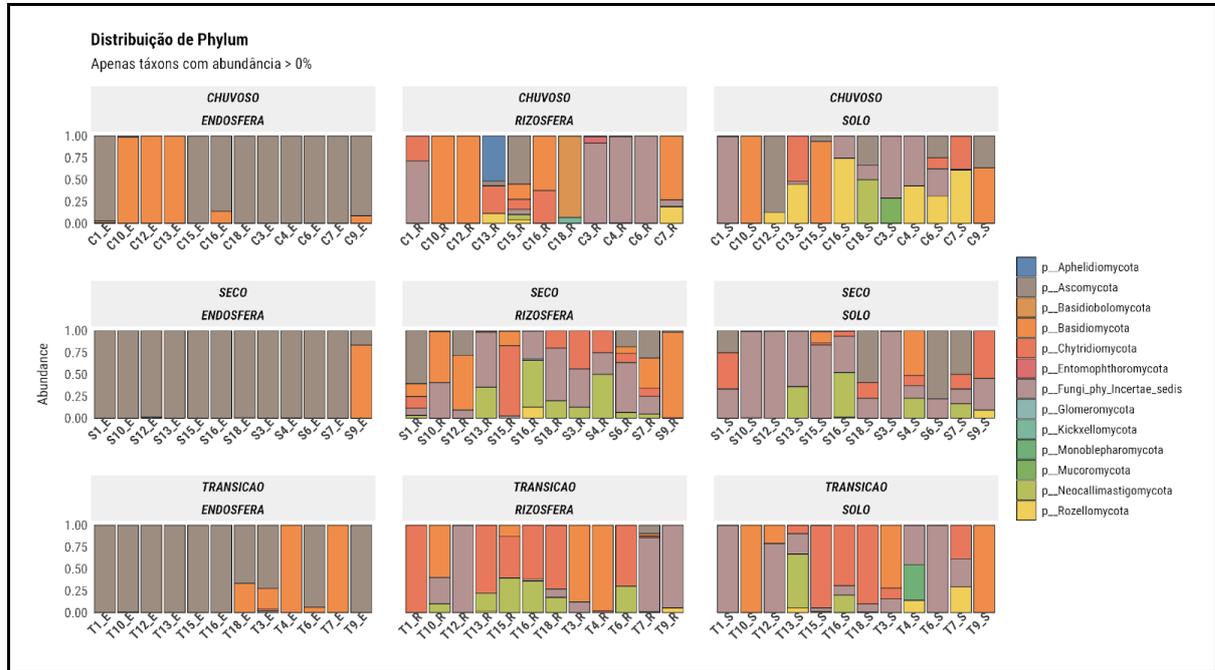


Fonte: elaborado pela autora (2024).

Ao analisarmos os compartimentos nas diferentes estações do ano, a endosfera foi dominada pelos filões Ascomycota (73%, 77% e 92%, nos períodos chuvoso, transição e seco, respectivamente) e Basidiomycota (27%, 22% e 7%), independentemente do período.

Na rizosfera, no período chuvoso e na seca tivemos dominância de um grupo de fungos sem classificação (33% e 30%), seguido de Basidiomycota (25% e 24%) e Ascomycota (14% e 11%). Na transição, o filo Chytridiomycota (39%) foi dominante, seguido de grupo de fungos sem classificação (21%) e com o filo Ascomycota sendo considerado raro (0,9%). No solo, observamos predominantemente um grupo de fungos sem classificação (25%), Rozellomycota (22%) e Basidiomycota (21%) na estação chuvosa. Já na transição, observa-se um grupo de fungos sem classificação (34%), Chytridiomycota (26%) e Basidiomycota (24%); e no período seco, um grupo de fungos sem classificação (52%), Ascomycota (17%) e Chytridiomycota (12%).

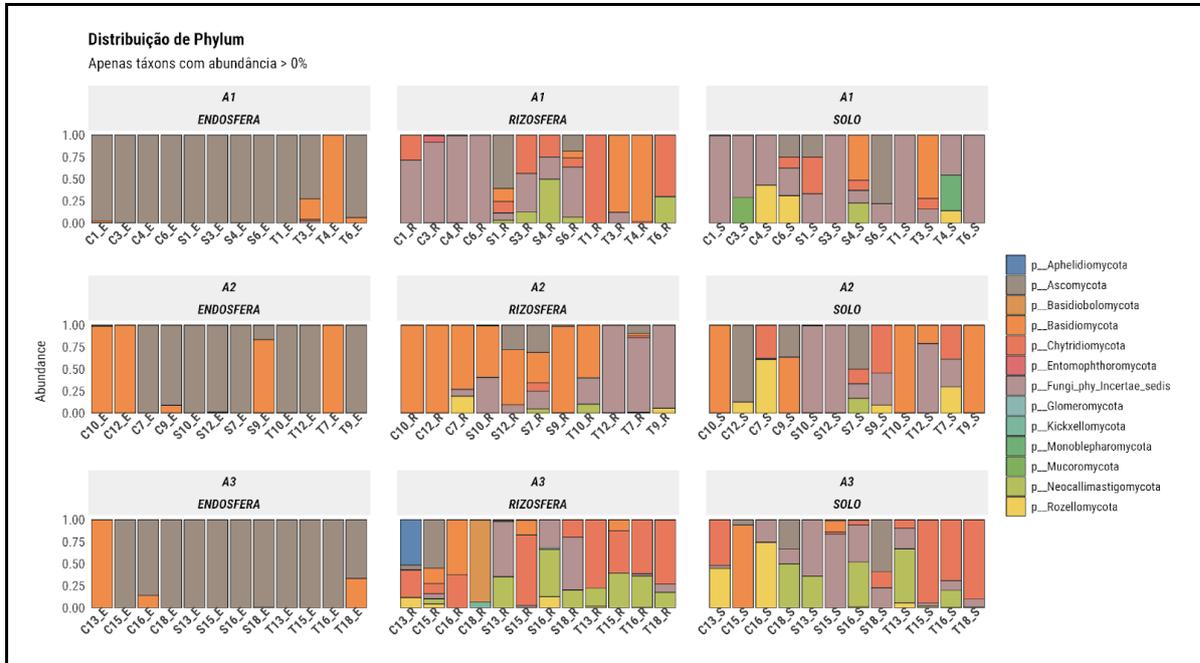
Figura 20 - Distribuição de filios com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nos períodos chuvoso, seco e transição. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Considerando diferentes áreas, a endosfera foi consistentemente dominada pelos fungos Ascomycota (88%, 67% e 87% nas áreas 1, 2 e 3, respectivamente) e Basidiomycota (11%, 32% e 12%). Já na rizosfera e no solo, a diversidade de filios foi maior e mais variável. Na rizosfera da área 1, os fungos não classificados foram mais abundantes (42%), seguidos por Chytridiomycota (24%) e Basidiomycota (17%). Na área 2, Basidiomycota liderou (53%), com fungos não classificados (35%) e Ascomycota (6%) em seguida. Na área 3, Chytridiomycota (36%), Neocallimastigomycota (19%) e fungos não classificados (14%) foram predominantes. Nos solos das áreas 1 e 2, os fungos não classificados (57% e 30%), Basidiomycota (10% e 32%) e Ascomycota (10% e 14%) foram os principais. No solo da área 3, Chytridiomycota (28%), fungos não classificados (25%) e Neocallimastigomycota (18%) dominaram.

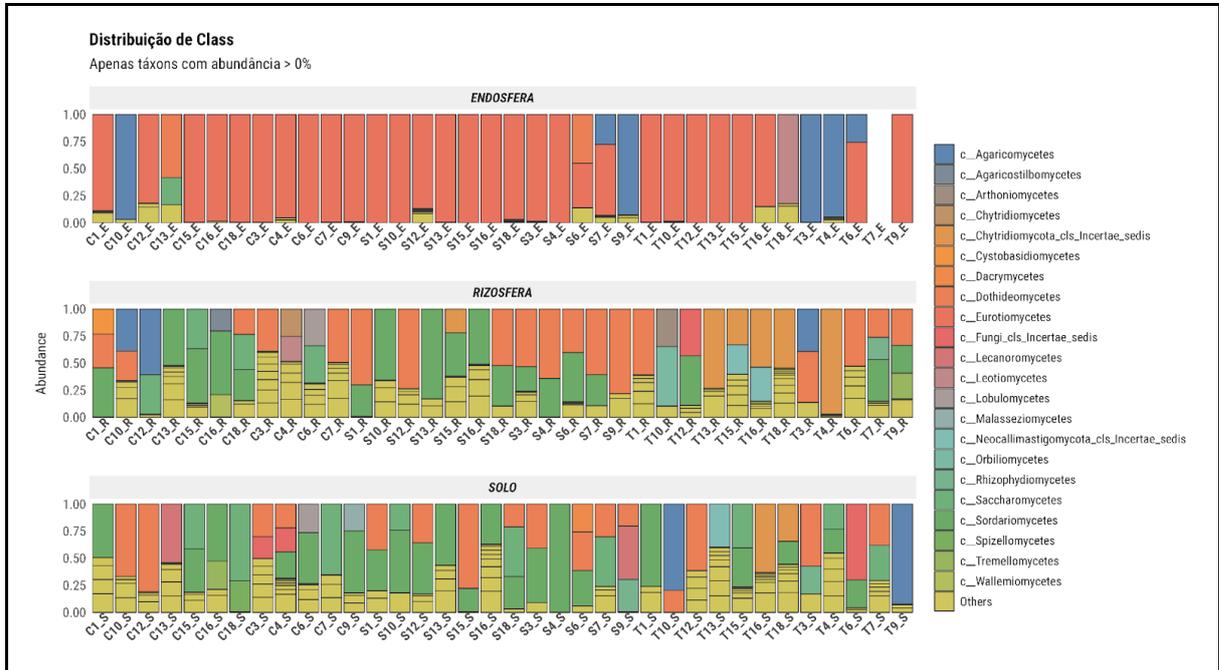
Figura 21 - Distribuição de filões com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nas áreas 1, 2 e 3. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Assim como ocorreu com os filões, a composição da comunidade fúngica entre os três compartimentos, em nível de classe, foi distinta apenas na endosfera. O solo e a rizosfera apresentaram como classes dominantes Sordariomycetes (28% e 25%) e Dothideomycetes (21% e 27%). Já a endosfera é composta principalmente pelas classes Eurotiomycetes (77%) e Agaricomycetes (13%) (Figura 21).

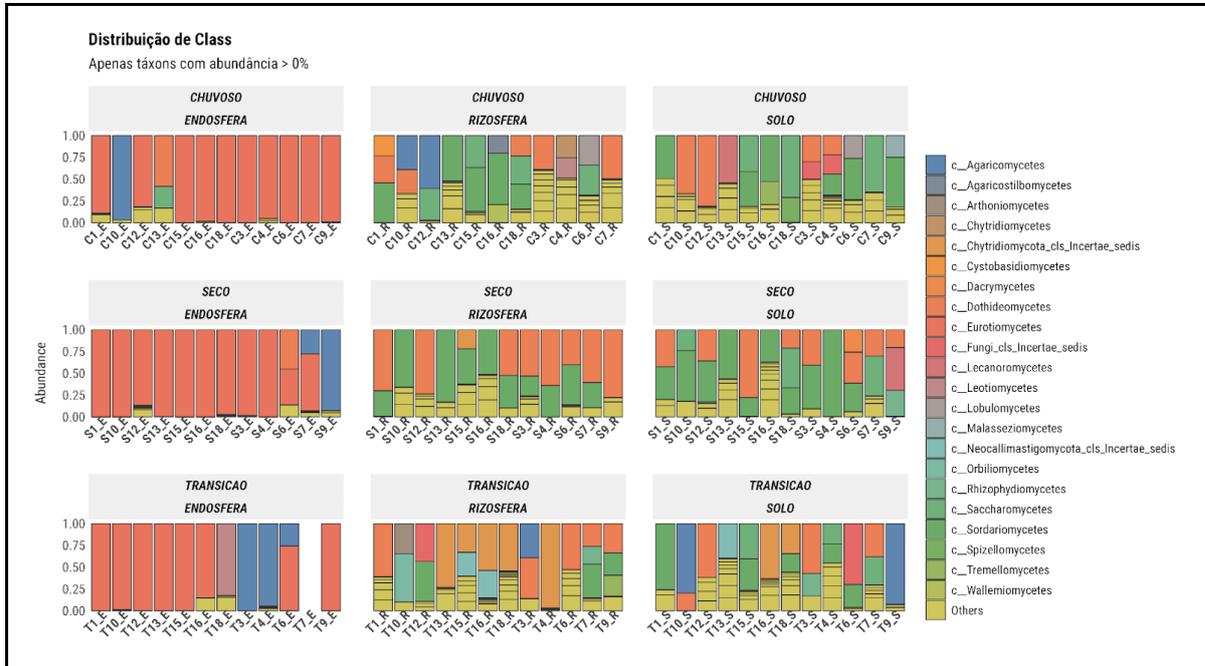
Figura 22 - Distribuição de classes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Considerando os compartimentos nas diferentes estações do ano, a endosfera foi dominada Eurotiomycetes (80% no período chuvoso, 69% na transição e 82% na seca) e Agaricomycetes (9%, 20% e 10%) independente da estação do ano. A rizosfera e o solo tiveram como classes dominantes na estação chuvosa, respectivamente, Sordariomycetes (24% e 25%), Dothideomycetes (18% e 19%) e Saccharomycetes (16% e 16%); na transição, Dothideomycetes (20% e 17%) e Sordariomycetes (12% e 18%), encontramos também uma classe sem classificação do filo Chytridiomycota que apresentou elevada abundância na rizosfera (27%) e Agaricomycetes no solo (14%). Na seca, na rizosfera e no solo foram predominantes, respectivamente, Sordariomycetes (41% e 40%), Dothideomycetes (40% e 27%) e Saccharomycetes (4% e 10%).

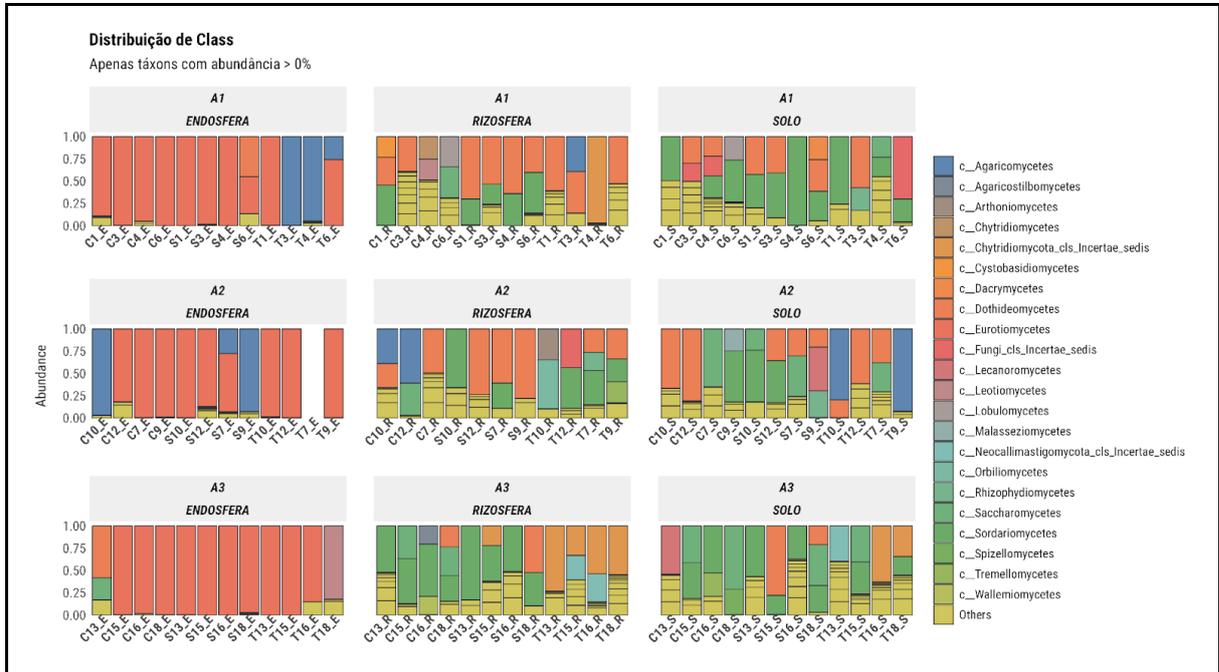
Figura 23 - Distribuição de classes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Ao analisarmos os compartimentos nas diferentes áreas, a endosfera das áreas 1 e 2 foi dominada por Eurotiomycetes (75% e 76%) e Agaricomycetes (18% e 21%), e na endosfera da área 3, Eurotiomycetes (81%) e Leotiomycetes (6%) foram prevalentes. Na rizosfera e no solo das áreas 1 e 2, as principais classes encontradas foram, respectivamente, Dothideomycetes (40% e 33%; 21% e 30%) e Sordariomycetes (16% e 23%; 40% e 17%). Na rizosfera e no solo da área 3, foi dominante Sordariomycetes (35% e 27%); além disso, uma classe não identificada pertencente ao filo Chytridiomycota foi abundante na rizosfera e Saccharomycetes (20%) no solo.

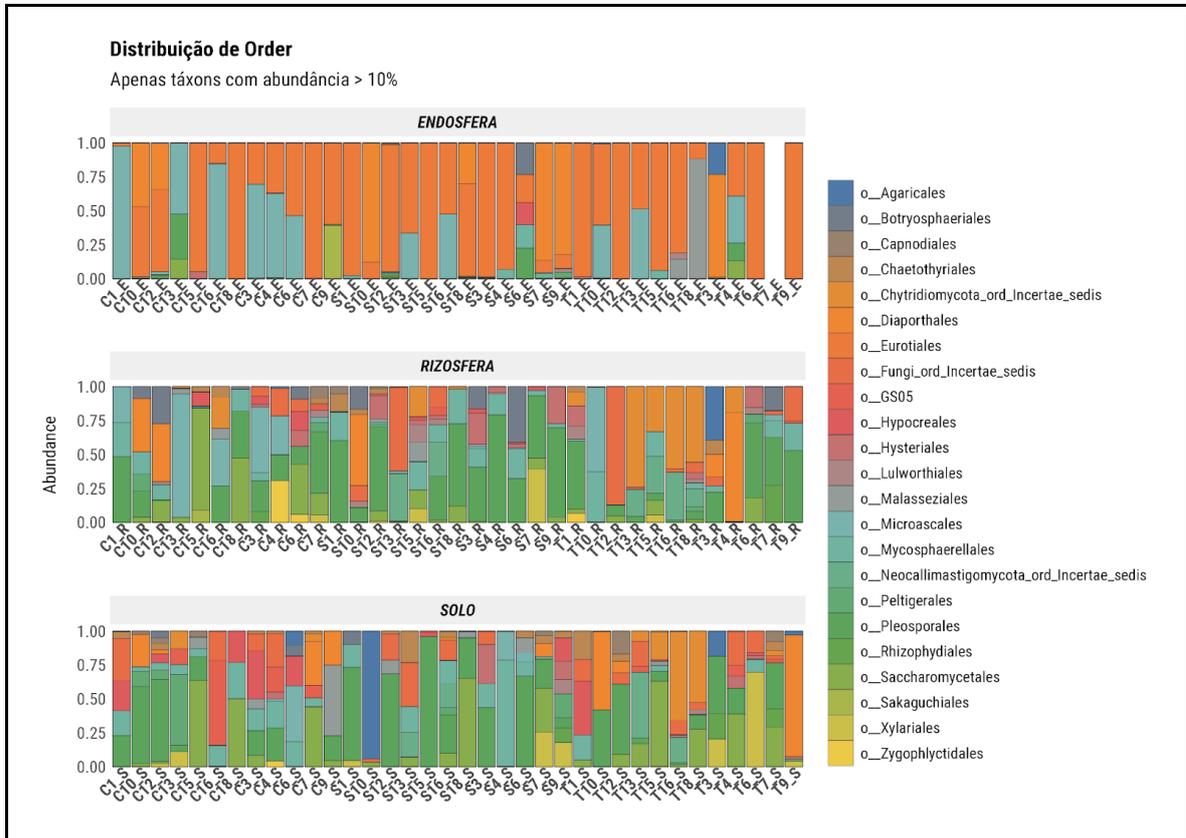
Figura 24 - Distribuição de classes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nas áreas 1, 2 e 3. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Em relação às ordens, considerando apenas os táxons dominantes com abundância acima de 30% para melhor visualização, somente a endosfera apresentou variações na composição taxonômica, o solo e a rizosfera apresentaram resultados semelhantes. A endosfera é composta principalmente pelas ordens Eurotiales (58%), Microascales (17%) e Diaporthales (12%). A rizosfera e solo apresentaram, principalmente, as ordens Pleosporales (27% e 24%) e Mycosphaerellales (9% e 9%) e Saccharomycetales (8% e 13%).

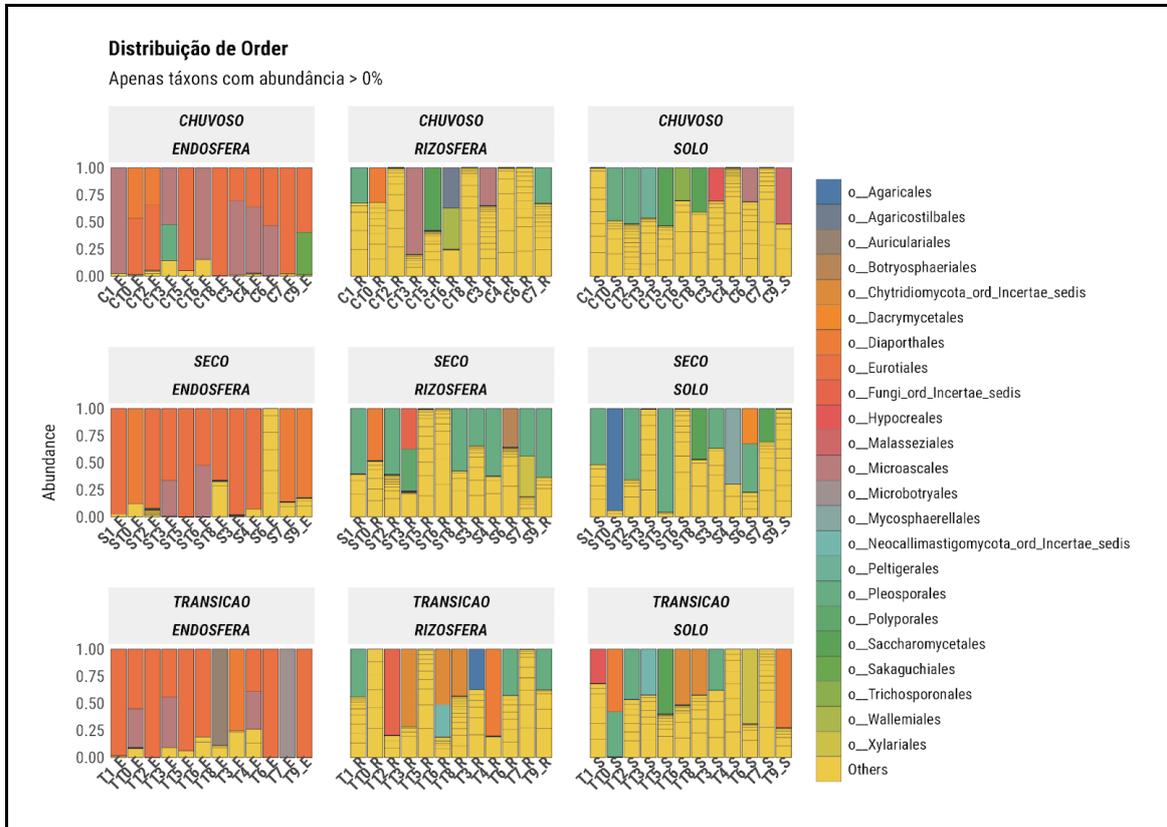
Figura 25 - Distribuição de ordens dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco. As ordens com menos de 30% de abundância relativa foram excluídas para melhorar a visualização



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Considerando os compartimentos nas diferentes estações do ano, a endosfera apresentou, no período chuvoso e na seca, principalmente as ordens Eurotiales (50% e 60%), Microascales (34% e 6%) e Diaporthales (6% e 23%); Eurotiales (66%), Microascales (11%) e Malasseziales (9%), na transição. No período chuvoso, a rizosfera foi dominada por Pleosporales (21%), Microascales (20%) e Saccharomycetales (18%); na transição tivemos o domínio de uma classe não identificada pertencente ao filo Chytridiomycota (21%), Pleosporales (20%) e uma ordem de fungos não classificada (11%); e no período seco, Pleosporales (40%), Mycosphaerellales (11%) e uma ordem de fungos não classificada (7%). Na estação chuvosa e na seca, destacaram-se no solo as ordens Pleosporales (18% e 35%), Saccharomycetales (14% e 9%) e Mycosphaerellales (11% e 13%); na transição, observamos a dominância das ordens Pleosporales (17%), Saccharomycetales (16%) e Diaporthales (13%).

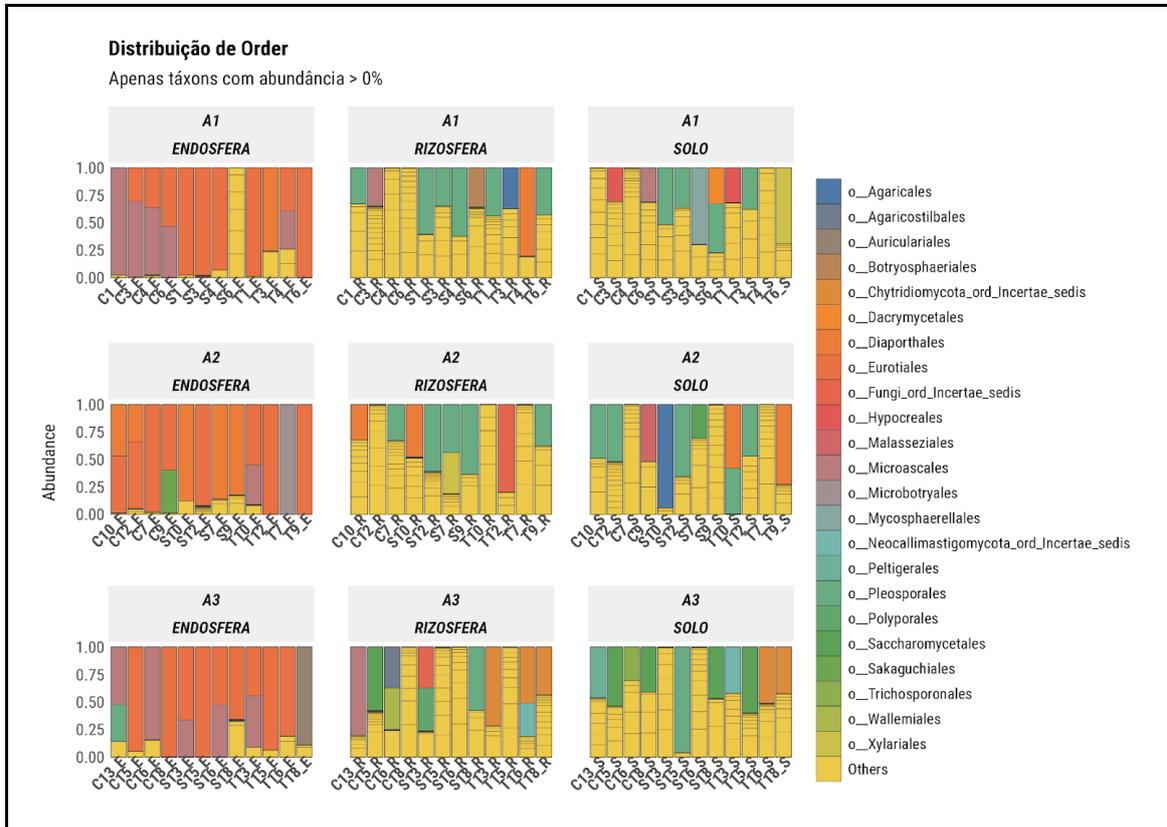
Figura 26 - Distribuição de ordens dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco. As ordens com abundâncias relativas menores que 30% foram reunidas como “Others”



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Analisando os compartimentos nas diferentes áreas, a endosfera das áreas 1 e 2, encontramos, principalmente, as ordens Eurotiales (55% e 59%), Microascales (25% e 3%) e Diaporthales (6% e 30%). A endosfera da área 3, foi dominada por Eurotiales (61%), Microascales (22%) e Malasseziales (8%). A rizosfera da área 1, é composta por Pleosporales (36%), Mycosphaerellales (9%) e Diaporthales (8%), na área 2, as ordens dominantes foram Pleosporales (31%), Diaporthales (12%) e uma ordem de fungos não classificados (11%), e na área 3, tivemos uma ordem do filo Chytridiomycota não classificada (22%), Pleosporales (14%) e Saccharomycetales (13%). No solo da área 1, encontramos predominantemente Pleosporales (25%), Mycosphaerellales (18%) e Mycosphaerellales (18%), na área 2 tivemos Pleosporales (30%), Diaporthales (20%) e Saccharomycetales (10%) como dominantes, e o solo da área 3 é composto por Saccharomycetales (25%), Pleosporales (16%) e uma ordem do filo Chytridiomycota não classificada (13%).

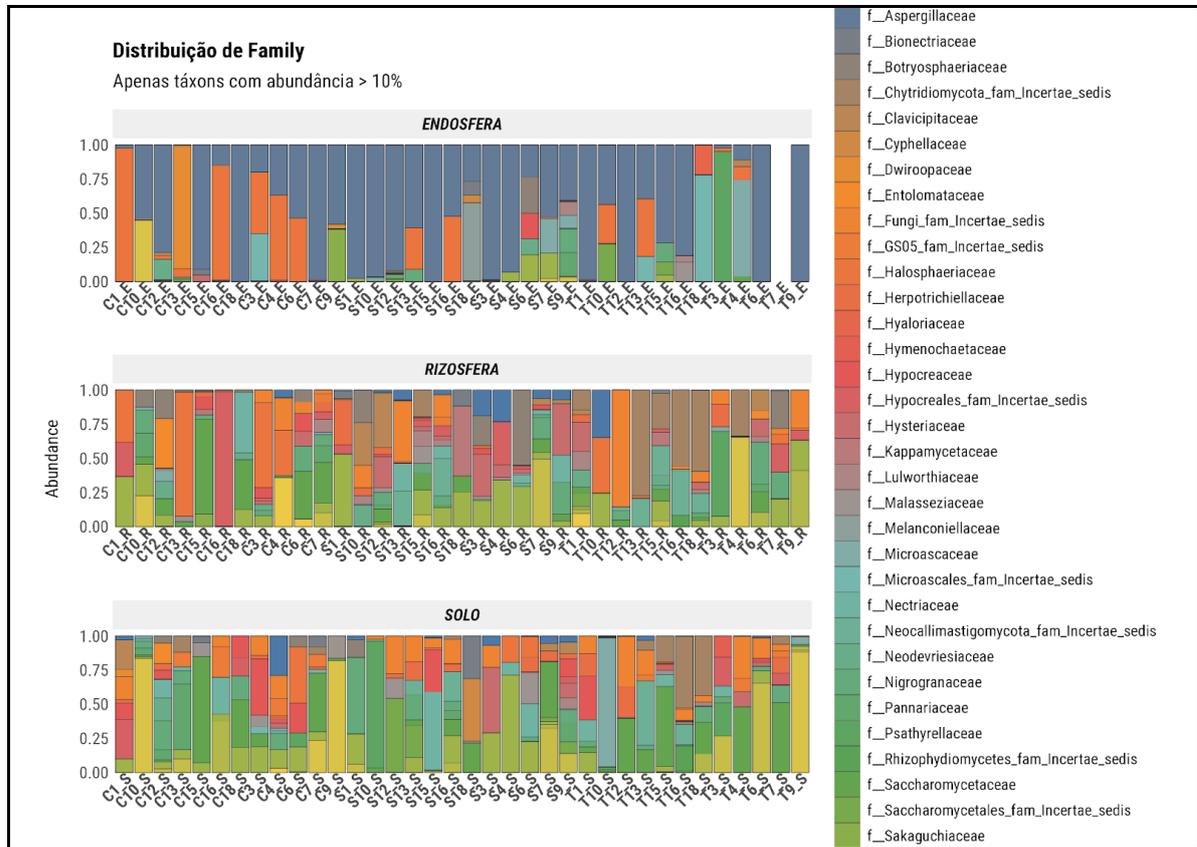
Figura 27 - Distribuição de ordens dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nas áreas 1, 2 e 3. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco. As ordens com abundâncias relativas menores que 30% foram reunidas como “Others”



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Nos resultados referentes às famílias dominantes, observamos o mesmo padrão que os níveis taxonômicos anteriormente apresentados. Dessa forma, a endosfera apresentou composição taxonômica diferente da rizosfera e do solo. A endosfera teve predomínio das famílias *Aspergillaceae* (59%) e *Halosphaeriaceae* (14%). Já a rizosfera e o solo tiveram como principais famílias, respectivamente, *Saccharomycetaceae* (8% e 14%), *Teratosphaeriaceae* (11% e 9%) e uma família do filo *Chytridiomycota* não classificada (8% e 8%).

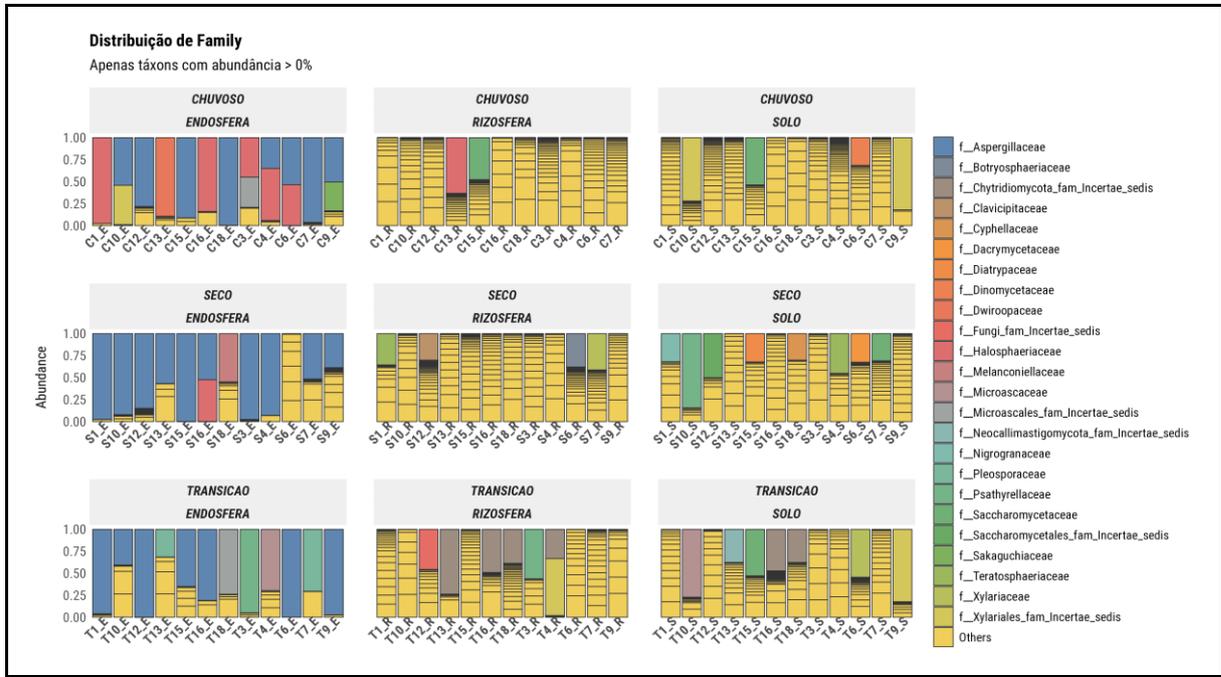
Figura 28 - Distribuição de famílias dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Considerando os compartimentos nas diferentes estações do ano, puderam ser observadas algumas diferenças de composição. Em todos os períodos, na endosfera destacou-se a família Aspergillaceae (50 e 69%), com Halosphaeriaceae (28% e 6%) destacando-se nos períodos chuvoso e seco; e Psathyrellaceae (8%) na transição. Já na rizosfera, no período chuvoso encontramos, principalmente, Halosphaeriaceae (20%) e Saccharomycetaceae (17%). A transição foi dominada por uma família do filo Chytridiomycota não classificada (22%) e uma família de fungos sem classificação (11%). Por sua vez, na seca, foram prevalentes Teratosphaeriaceae (17%), Clavicipitaceae, e uma família de fungos sem classificação e Hysteriaceae (com 7% cada).

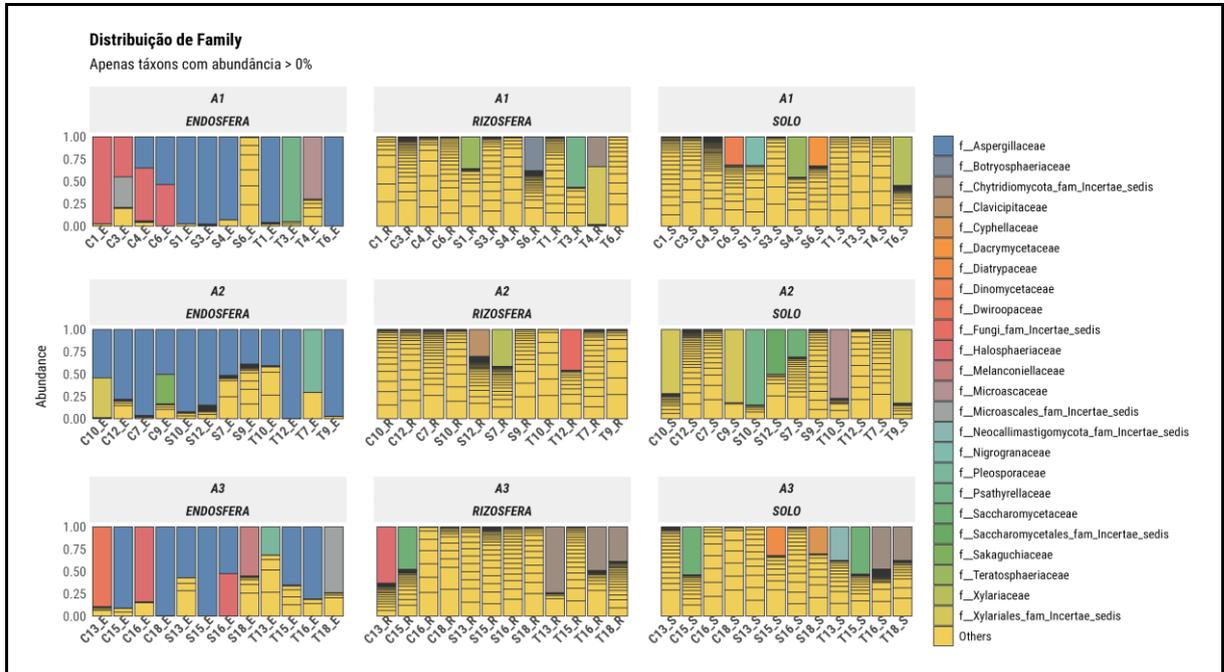
Figura 29 - Distribuição de famílias dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera, nos períodos chuvoso, seco e transição. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Os resultados de diferentes compartimentos nas 3 áreas de estudo mostram que a endosfera das áreas 1 e 3 são semelhantes, com Aspergillaceae (53% e 53%) e Halosphaeriaceae (22% e 17%) sendo dominantes. Já a endosfera da área 2 é composta, principalmente, por Aspergillaceae (74%) e uma família não classificada da ordem Xylariales (4%). A rizosfera da área 1 é dominada por Teratosphaeriaceae (15%) e Halosphaeriaceae (11%), a área 2 por uma família de fungos sem classificação (12%) e Teratosphaeriaceae (10%), e a área 3 por uma família do filo Chytridiomycota não classificada (20%) e Saccharomycetaceae (12%). O solo da área 1 tem como principais famílias Teratosphaeriaceae (19%) e uma família de fungos sem classificação (10%), a área 2 por uma família não classificada da ordem Xylariales (23%) e Saccharomycetaceae (15%) e a área 3 por Saccharomycetaceae (20%) e por uma família do filo Chytridiomycota não classificada (11%).

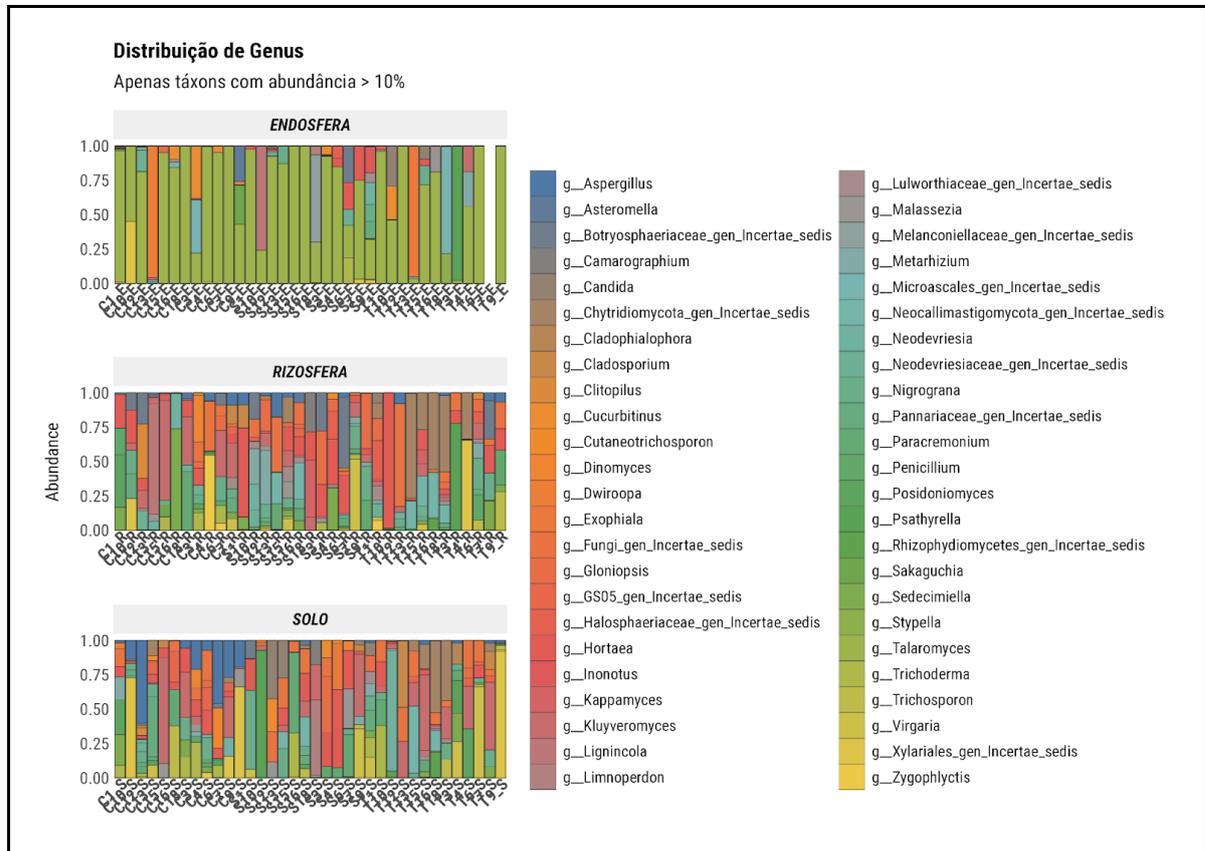
Figura 30 - Distribuição de famílias dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera nas áreas 1, 2 e 3. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Os resultados dos gêneros dominantes mostram que os compartimentos seguem o mesmo padrão dos demais níveis taxonômicos avaliados, onde a rizosfera e solo compartilham maior similaridade na composição taxonômica, sendo mais distintas da endosfera. Assim, a rizosfera e o solo têm como gêneros principais *Hortaea* (13% e 8%), um gênero não classificado do filo Chytridiomycota (8% e 4%) e *Kluyveromyces* (7% e 12%); e a endosfera tem *Talaromyces* (69%) e um gênero não classificado da ordem Microascales (3%).

Figura 31 - Distribuição de gêneros dominantes com base em sequências ITS2 fúngicas dos compartimentos da endosfera, do solo e da rizosfera. As letras no início dos nomes das amostras se referem a: C = período chuvoso, T = transição, S = seco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Considerando os compartimentos os em diferentes períodos do ano, a endosfera foi dominada por *Talaromyces* (59 - 72% nas três áreas). Outros gêneros de destaque foram *Dwiroopa* (8%) no chuvoso, *Psathyrella* (9%) na transição, e *Lignicola* (6%) na seca.

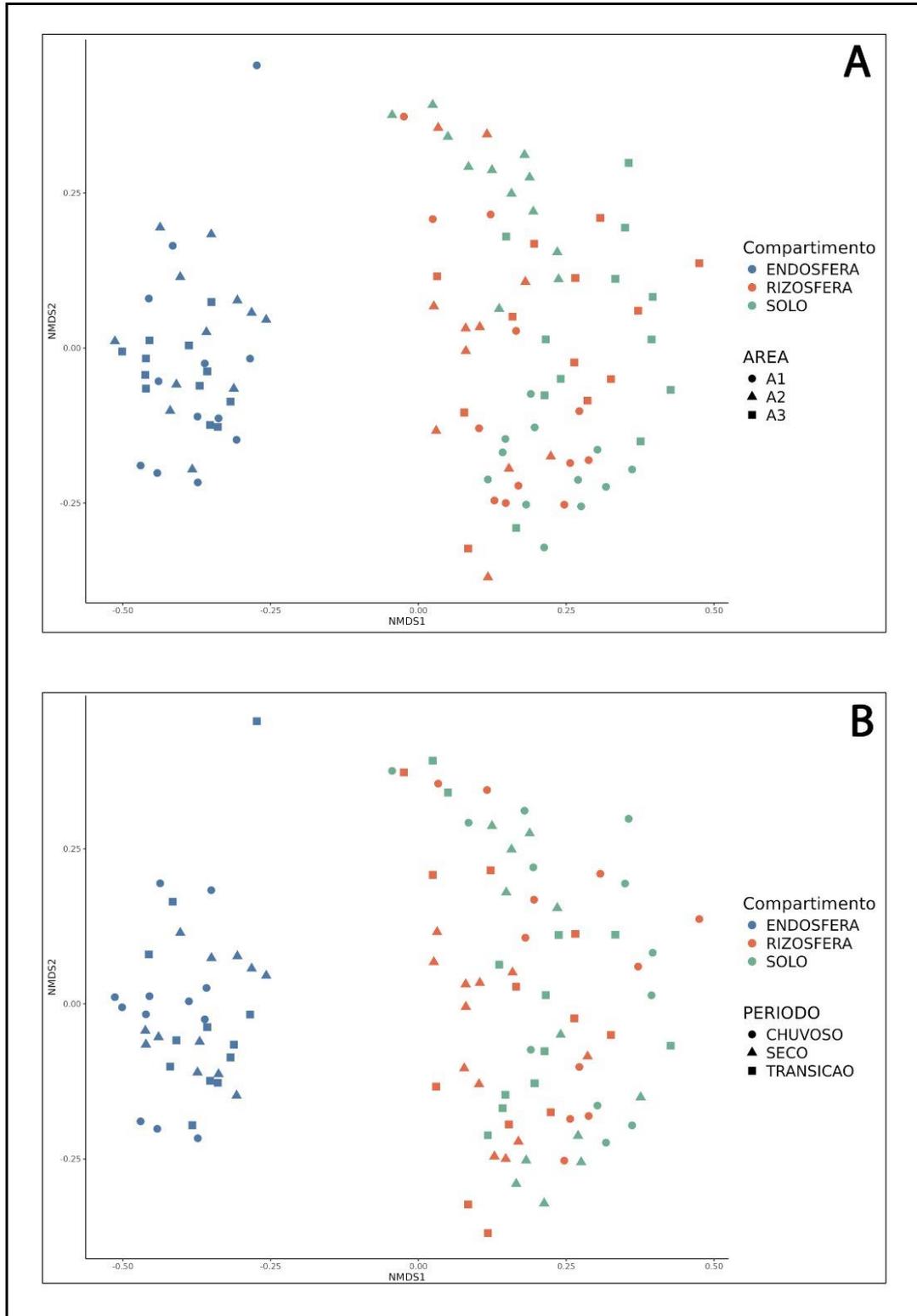
Ao longo do ano, a rizosfera foi mais variável, apresentando *Kluyveromyces* (17%) e *Sedecimiella* (9%) como gêneros dominantes na estação chuvosa e alternando para gênero não classificado do filo Chytridiomycota (21%) e *Hortaea* (13%) na transição e, finalmente, tendo *Hortaea* (17%) e *Glioniopsis* (10%) como principais gêneros no período seco. Por sua vez, o solo, em geral mais semelhante à composição da rizosfera, apresentou *Kluyveromyces* como gênero dominante nas estações chuvosa e de transição para o período seco, o qual foi substituído por *Hortaea* (14%), *Nigrograna* (8%) e *Paracremonium* (8%) na seca. Outros gêneros que merecem destaque no solo são *Aspergillus* (16%) na estação chuvosa, e um gênero não classificado do filo Chytridiomycota (10%) na transição.

Durante o ano na endosfera, *Talaromyces* dominou em todas as estações, representando entre 59 - 72% das espécies nas três áreas. Além dele, outros gêneros se destacaram: *Dwiroopa* (8%) na estação chuvosa, *Psathyrella* (9%) na estação de transição e *Lignicola* (6%) na estação seca. A rizosfera, por sua vez, apresentou uma variação maior. Na estação chuvosa, *Kluyveromyces* (17%) e *Sedecimiella* (9%) foram os gêneros predominantes. Na estação de transição, um gênero não classificado do filo Chytridiomycota (21%) e *Hortaea* (13%) assumiram a liderança. No período seco, *Hortaea* (17%) e *Gloniopsis* (10%) foram os mais encontrados. O solo, de forma geral, mostrou-se similar à rizosfera. Durante as estações chuvosa e de transição, *Kluyveromyces* foi o gênero dominante. Já na estação seca, este foi substituído por *Hortaea* (14%), *Nigrograna* (8%) e *Paracremonium* (8%). Entre outros gêneros notáveis no solo, destacam-se *Aspergillus* (16%) na estação chuvosa e um gênero não classificado do filo Chytridiomycota (10%) na transição.

7.2.3 Beta Diversidade

O NMDS revelou as diferenças entre a composição em nível de ASV entre os compartimentos e áreas de estudos. Como mostrado no detalhamento da composição taxonômica de filo a gênero, o compartimento da endosfera apresenta grande dissimilaridade da rizosfera e do solo, independente da área ou período do ano (Figura 32).

Figura 32- Gráfico de escalonamento multidimensional não métrico (NMDS) de comunidades fúngicas nos compartimentos endosfera, rizosfera e solo. A: áreas de estudo (A1 – Cofeco, A2- Ceac e A3 – River Park). B: períodos chuvoso, seco e transição

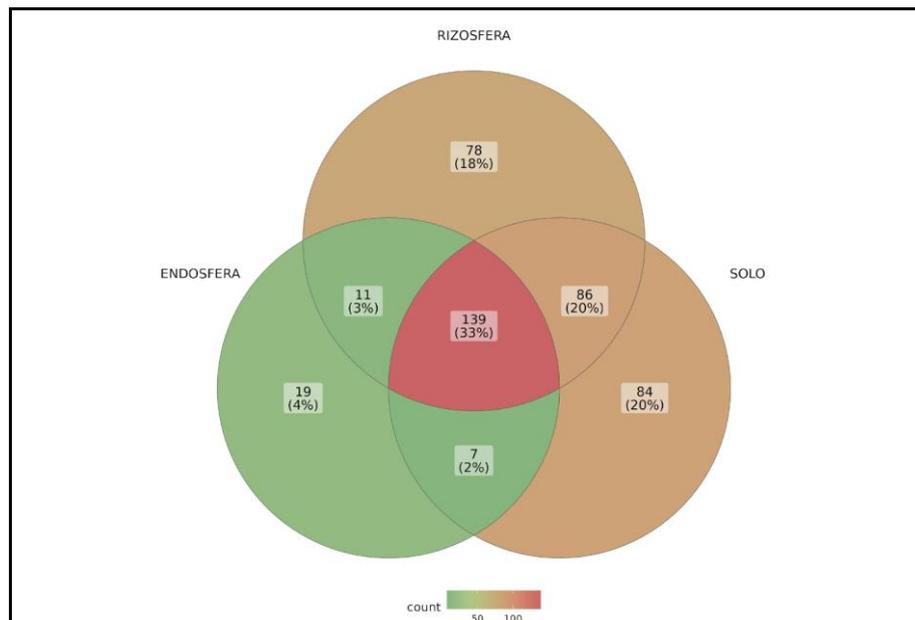


Fonte: elaborado pela autora (2024).

De acordo com o gráfico de NMDS, observamos uma clara separação entre as amostras da endosfera e as amostras do solo e da rizosfera. As amostras de solo e rizosfera estão agrupadas próximas umas das outras, indicando uma alta similaridade em sua composição microbiana. Por outro lado, as amostras da endosfera estão todas reunidas, sugerindo uma composição microbiana significativamente diferente. Isso indica que as condições únicas dentro das raízes das plantas podem influenciar a comunidade microbiana de forma diferente em comparação com o solo circundante.

A análise dos gêneros fúngicos nos compartimentos endosfera, rizosfera e solo revelou uma distribuição única de espécies em cada ambiente. O diagrama de Venn apresentado (figura 33) mostra as sobreposições e diferenças entre os gêneros fúngicos encontrados em cada compartimento.

Figura 33 - Diagrama de Venn dos gêneros fúngicos nos compartimentos endosfera (cor verde), rizosfera (marrom escuro) e solo (marrom claro)



Fonte: elaborado pela autora (2024).

Foram encontrados um total de 176, 314 e 316 gêneros, na endosfera, na rizosfera e no solo, respectivamente. Observamos que, 19 gêneros (4%) foram exclusivos da endosfera, 78 gêneros (18%) foram exclusivos da rizosfera, 84 gêneros (20%) foram exclusivos do solo. Além disso, identificamos 11 gêneros (3%) compartilhados entre a endosfera e a rizosfera, 86

gêneros (20%) compartilhados entre a rizosfera e o solo, 7 gêneros (2%) compartilhados entre o solo e a endosfera, e 139 gêneros (33%) compartilhados entre os três compartimentos.

8 DISCUSSÃO

Neste estudo, analisou-se a composição da comunidade fúngica de três compartimentos (solo, rizosfera e endosfera) associados às raízes de *Rhizophora mangle*, em três períodos (chuvoso, transição e seco) de três áreas distintas (Área 1 - COFECO, Área 2 - CEAC e Área 3 - RIVER PARK) de um manguezal sob clima semiárido. Nossos resultados mostram que a diversidade da comunidade fúngica nos compartimentos do solo e da rizosfera é estatisticamente semelhante. A endosfera possui menor riqueza e diversidade em relação aos demais compartimentos analisados. O solo e a rizosfera apresentaram resultados similares, com diferenças apenas nas abundâncias relativas de alguns táxons.

Os filos mais abundantes foram Ascomycota, Basidiomycota e Chytridiomycota, sendo os dois últimos abundantes no solo e na rizosfera, e o primeiro muito abundante na endosfera. A composição das comunidades fúngicas não variou entre os períodos analisados. Esse resultado amplia os grupos revelados previamente em estudos realizados em manguezais (SIMÕES *et al.*, 2015; ZHANG; GUI; ZHANG; LI, 2022; ZHUANG *et al.*, 2020; ZUO *et al.*, 2022), onde os filos predominantes são Ascomycota e Basidiomycota. No entanto, é importante ressaltar que esses estudos empregaram abordagens metodológicas diversas e primers distintos, o que pode influenciar nos resultados encontrados.

Em nosso estudo, encontramos um elevado número de táxons sem identificação. Essa descoberta evidencia o quanto ainda precisamos evoluir na identificação de táxons fúngicos, pois estima-se que existam entre 1,5 e 5,1 milhões de fungos distribuídos em diversos ecossistemas, dos quais apenas cerca de 150.000 estão descritos (BERBEE; JAMES; STRULLU-DERRIEN, 2017; LUCKING *et al.*, 2021; BLACKWELL, 2011; HYDE *et al.*, 2020). Apesar dos avanços alcançados com os métodos de identificação molecular, são necessários esforços maiores para identificar e descrever táxons potencialmente novos, através do uso de outras abordagens, como por exemplo, análises filogenéticas combinadas dos genes rRNA 18S (SSU) e 28S (LSU) (TEDERSOO *et al.*, 2020), genômica e transcriptômica unicelular (JONES *et al.*, 2011; COLIN *et al.*, 2017) e ferramentas de visualização combinada (AHRENDT *et al.*, 2018).

Os manguezais possibilitam o estudo de uma rica diversidade de fungos, com organismos tanto de origem marinha como terrestre. Em nosso estudo esperava-se encontrar uma elevada abundância de fungos marinhos (conforme a definição de PANG *et al.*, 2016), pois há evidências de que em manguezais os microrganismos que se encontram nas partes submersas, parcial ou totalmente conforme os ciclos das marés, são de origem marinha. Além

disso, existe certa dificuldade de atribuir taxonomia a esses organismos marinhos, uma vez que grande parcela dos estudos micológicos se concentra nos fungos de origem terrestre (LEE *et al.*, 2019). Outra dificuldade enfrentada em nossa região de estudo (América do Sul) é a falta de pesquisas que empreguem métodos moleculares para examinar a biodiversidade dos fungos marinhos e a estrutura da comunidade em compartimentos diversos.

Neste estudo as classes principais foram Eurotiomycetes, Sordariomycetes e Dothideomycetes. Estudos anteriores relataram que estes mesmos táxons foram as classes dominantes em diferentes compartimentos em vários locais de estudo (ZHANG; GUI; ZHANG; LI, 2022; PURAHONG *et al.*, 2019; VANEGAS *et al.*, 2019; ZUO *et al.*, 2021; ALZARHANI *et al.*, 2019). Por exemplo, Dothideomycetes e Sordariomycetes foram descritos como abundantes em folhas, na rizosfera e nos solos dos manguezais, e Eurotiomycetes na rizosfera de manguezais (YAO *et al.*, 2019; PURAHONG *et al.*, 2019; CHI *et al.*, 2019; LI *et al.*, 2022; VANEGAS *et al.*, 2019). Já Sordariomycetes foi relatada como classe dominante de raízes em um deserto na China (ZUO *et al.*, 2021), e em raízes de pântanos salgados no Reino Unido (ALZARHANI *et al.*, 2019).

A classe Sordariomycetes tem distribuição universal, sendo a maioria de origem terrestre, embora possa ser encontrada em ambientes marinhos (JONES *et al.*, 2015). Alguns são patógenos que causam doenças em folhas, caules e raízes de diversos hospedeiros, outros são endófitos de plantas (HYDE *et al.* 2014). Além disso, Sordariomycetes é constituída por sapróbios que realizam a decomposição e a ciclagem de nutrientes (JAKLITSCH; VOGLMAYR, 2012), e algumas espécies são reconhecidas como importantes agentes de controle biológico (por exemplo, *Beauveria bassiana*, *Trichoderma viride*, *T. harzianum*) (KAEWCHAI; SOYTONG; HYDE, 2009) e produtoras de metabólitos utilizados nos ramos da medicina e da biotecnologia (DEBBAB; ALY; PROKSCH, 2013; XU; YANG; LIN, 2014).

Dothideomycetes é a maior classe de fungos do filo Ascomycota. São organismos cosmopolitas e estão geograficamente distribuídos em diferentes ecossistemas, como ambientes aquáticos, marinhos, terrestres e extremos, sendo fundamentais para a saúde dos ecossistemas e para a ciclagem de nutrientes devido sua atuação como sapróbios. Em ambientes marinhos, especialmente em manguezais, são saprotróficos comumente encontrados em material lenhoso em decomposição, realizando a degradação da celulose. Além disso, também atuam como parasitas ou simbioses de ervas marinhas, e alguns estão associados às plantas como endófitos e outros podem ser patógenos de animais e plantas

(SUETRONG *et al.*, 2009; RICHARDS; JONES; LEONARD; BASS, 2012; HYDE *et al.*, 2013; PEM *et al.*, 2021; OHM *et al.*, 2012).

Já a classe Eurotiomycetes é constituída por fungos pretos tolerantes a condições extremas, como altas temperaturas e hipersalinidade (GEISER; LOBUGLIO; GUEIDAN, 2015; GUNDE-CIMERMAN; ZALAR; HOOG; PLEMENITAS, 2000). Embora a maioria das espécies seja de saprófitos, algumas espécies, devido a sua grande resistência, são patogênicas de plantas, humanos e animais (GUNDE-CIMERMAN; ZALAR; HOOG; PLEMENITAS, 2000; GOSTINCAR; GRUBE; GUNDE-CIMERMAN, 2011). Além disso, esses grupos estão associados à produção de alimentos, metabólitos secundários tóxicos (como aflatoxina e ocratoxina) e de uso industrial, como aditivos de alimentos, antibióticos e outros fármacos (GEISER; LOBUGLIO; GUEIDAN, 2015).

Com relação às ordens, o solo e a rizosfera foram dominados por Pleosporales, e a endosfera por Eurotiales. Pleosporales é a maior ordem dos Dothideomycetes, com espécies encontradas em habitats de água doce, marinho ou terrestre (ZHANG; CROUS; SCHOCH; HYDE, 2012). Pleosporales também é a maior ordem de fungos de mangue, com 133 espécies conhecidas (DEVADATHA *et al.*, 2021). A maioria de seus membros são sapróbios ou parasitas de caules, folhas ou cascas de plantas mortas (KRUYSS; ERIKSSON; WEDIN, 2006).

Eurotiales é uma ordem bastante diversa, que abriga gêneros economicamente importantes, como *Aspergillus*, *Penicillium*, *Rasamsonia* e *Talaromyces* (HOUBRAKEN *et al.*, 2020). Várias espécies dessa ordem possuem relevância para a agricultura, indústria e produção de remédios (LI *et al.*, 2019; ROSSMAN *et al.*, 2016; HAN; SUN; WANG, 2022; HOUBRAKEN; SEIFERT; SAMSON, 2019; FRISVAD *et al.*, 2018). Além disso, algumas espécies possuem propriedades como deterioração de alimentos, produção de micotoxinas, patogênicos humanos e contaminantes (FRISVAD *et al.*, 2018; FRISVAD *et al.*, 2019; SAMSON, 2019; BRULE *et al.*, 2020). Eurotiales também possui algumas espécies xerofílicas, halofílicas e halotolerantes, como por exemplo, *Aspergillus niger*, *Aspergillus sydowii* e *Hortaea werneckii* (GUNDE-CIMERMAN; RAMOS; PLEMENITAS, 2009).

Com relação às famílias dominantes, encontramos principalmente Aspergillaceae na endosfera, e Saccharomycetaceae e Teratosphaeriaceae, no solo e na rizosfera. Quanto aos gêneros dominantes, observamos a prevalência de *Hortaea* no solo e na rizosfera, e *Talaromyces* na endosfera.

Ao compararmos as áreas de estudo, observamos que as áreas 1 e 3 são mais semelhantes em suas características abióticas do que a área 2. A área 2 se destaca por possuir

uma faixa de areia entre o rio e o manguezal, criando uma topografia diferente das outras áreas. Essa diferença topográfica parece influenciar fatores como a umidade, salinidade do solo e disponibilidade de nutrientes. No entanto, apesar das diferenças nas características abióticas, não observamos uma correspondência direta com as comunidades fúngicas. Isso sugere que outros fatores, como interações bióticas (como competição, predação e mutualismo) e fatores históricos (como dispersão e colonização), também desempenham um papel importante na estruturação das comunidades fúngicas nessas áreas (DUMBRELL *et al.* 2011; DE VRIES *et al.*, 2012; KIVLIN; HAWKES, 2016).

Nossas hipóteses sugeriam diferenças na diversidade e riqueza fúngica entre os compartimentos estudados, associadas à área de estudo e às características ambientais, especificamente salinidade e teor de fósforo. Esperávamos que o solo apresentasse maior diversidade e riqueza fúngica, com uma redução gradativa na rizosfera e na endosfera. No entanto, nossas descobertas não confirmaram totalmente essas hipóteses. Tanto o solo quanto a rizosfera exibiram riqueza e diversidade fúngica estatisticamente semelhantes, com diferenças observadas apenas na endosfera. Além disso, mesmo com diferenças na salinidade e no teor de fósforo, as áreas 1 e 3 são consideradas semelhantes entre si. É importante ressaltar que a caracterização das variáveis físicas e químicas ocorreu com amostras de solo. Portanto, a partir delas tecemos considerações a respeito das diferentes áreas de estudo e períodos de amostragem, as quais não devem ser estendidas a comparação entre compartimentos.

A análise de componentes principais (PCA) nos revelou as principais características ambientais que diferenciam as áreas de estudo. Nas áreas 1 e 3, a quantidade de matéria orgânica, teor de umidade, silte-argila, fósforo, ferro pirítico e teor de piritização destacaram-se como principais fatores, enquanto a área 2 foi associada com salinidade e quantidade de areia.

Diversos fatores bióticos e abióticos têm sido apontados como influências para a diversidade e a composição da comunidade fúngica, incluindo fatores ligados à diversidade, identidade e características das plantas (COMAS; CALLAHAN; MIDFORD, 2014; TEDERSOO *et al.*, 2015; KIVLIN; HAWKES, 2016), características do solo, como pH, salinidade e umidade (DUMBRELL *et al.*, 2010; TEDERSOO *et al.*, 2014; VANEGAS *et al.*, 2019), variáveis climáticas, como variações sazonais e precipitação (DUMBRELL *et al.*, 2011; DE VRIES *et al.*, 2012; COTTON *et al.*, 2015; KIVLIN; HAWKES, 2016;), proveniência da amostra (se adquirida na superfície ou submersa, da rizosfera ou fora dela)

(SIMÕES *et al.*, 2015) e o compartimento analisado das plantas (por exemplo, solo, rizosfera, endosfera, filosfera) (LOGANATHACHETTI *et al.*, 2017).

Entretanto, esses estudos analisaram diferentes ambientes com condições distintas (por exemplo, diferentes escalas espaciais, temporais, ecossistemas, etc.). Dessa forma, as variáveis encontradas como influentes em um estudo muitas vezes não são significativas em outros estudos similares, ou seja, não são generalizáveis. Assim, mesmo mudanças sutis nas variáveis abióticas podem modificar as interações entre as espécies levando a alterações de diversidade e composição (ALZARHANI, *et al.*, 2019).

Dessa maneira, nossos resultados, juntamente com estudos anteriores realizados em manguezais (SIMÕES *et al.*, 2015; LOGANATHACHETTI; POOSAKKANNU; MUTHURAMAN, 2017) e em outros ecossistemas (ALZARHANI, *et al.*, 2019), indicam que as características específicas do local, como o ambiente físico, químico e biológico, podem ser os maiores preditores na seleção das comunidades fúngicas associadas às raízes de um ecossistema.

Nossos resultados contrastaram com estudos realizados anteriormente no manguezal, onde a diversidade fúngica da rizosfera foi maior do que a do solo (SIMÕES *et al.*, 2015), e a diversidade do solo foi maior do que a das raízes e da rizosfera (LOGANATHACHETTI; POOSAKKANNU; MUTHURAMAN, 2017). Além disso, em diferentes ambientes, a diversidade fúngica foi maior no solo do que na rizosfera (SMIT *et al.*, 1999; GOMES *et al.*, 2003). A diferença nas metodologias utilizadas nos estudos e as características específicas de cada área podem ser as possíveis razões para resultados contrastantes. Por sua vez, a composição da endosfera foi muito conservada entre as áreas ao longo do ano.

Observamos também uma tendência da composição fúngica ser mais conservada tanto no período chuvoso quanto no seco, e mais variável na transição entre esses dois períodos. Isso indica que as mudanças sazonais ocorridas no ambiente podem influenciar as interações ecológicas entre diferentes espécies fúngicas, levando a mudanças na composição da comunidade. Dessa forma, essas mudanças sazonais podem representar perturbações que afetam a comunidade fúngica, resultando em uma maior variabilidade na composição fúngica durante esses períodos de transição. Esses resultados sugerem que pode ocorrer uma interação complexa entre fatores ambientais sazonais, adaptação das espécies e interações ecológicas na comunidade fúngica do manguezal (DUMBRELL *et al.* 2011; DE VRIES *et al.*, 2012; KIVLIN; HAWKES, 2016).

O avanço dos métodos moleculares tem contribuído de forma significativa para a nossa compreensão de como as comunidades fúngicas associadas às raízes são moldadas pelo ambiente (DUMBRELL *et al.*, 2010; PEAY; GARBELOTTO; BRUNS, 2010; DUMBRELL *et al.*, 2011; COTTON *et al.*, 2015).

É amplamente observado que os exsudatos das raízes, como ácidos orgânicos e compostos inorgânicos, aumentam a atividade microbiana, a diversidade e a atividade enzimática, modificando as propriedades físico-químicas do solo e os substratos disponíveis para os microrganismos. Esse fenômeno, conhecido como "efeito rizosférico", varia de acordo com as plantas hospedeiras, o solo e condições ambientais, como pH, umidade e disponibilidade de nutrientes (BRZOSTEK; GRECO; DRAKE; FINZI, 2013; ZHANG *et al.*, 2014; KANDELER *et al.*, 2002; RENGEL; MARSCHNER, 2005). No entanto, o efeito rizosférico nem sempre aparenta ser benéfico devido à intensa competição por nutrientes entre plantas e microrganismos, especialmente em ambientes adversos e pobres em nutrientes (SAN-AN *et al.*, 2014; PRIHA; HALLANTIE; SMOLANDER, 1999), como os manguezais (ALONGI, 2018). Em nosso estudo, pode-se perceber uma forte seleção de fungos que habitam a endosfera, com riqueza e diversidade diminuindo no sentido solo-rizosfera-endosfera, confirmando a forte competição e consequente seleção que ocorre nesse continuum e atuação do efeito rizosférico. Se tivéssemos incluído em nosso estudo, sedimentos de manguezal desprovidos de vegetação, seria possível estudar melhor tal efeito.

A menor diversidade de fungos que encontramos em nosso estudo no compartimento da endosfera, em comparação com o solo e a rizosfera, foi semelhante àquela observada em outros estudos realizados com raízes de manguezal (ZHUANG *et al.*, 2020) e raiz de *Arabidopsis* (EDWARDS *et al.*, 2015). Isso sugere que o ambiente ao redor da superfície das raízes (conhecido como rizoplano) desempenha um papel ativo na seleção dos micróbios que podem entrar na raiz. Ele atua como um filtro, permitindo a entrada de certos micróbios enquanto exclui outros. Como resultado dessa seleção, a diversidade microbiana na raiz pode ser reduzida, pois apenas determinadas espécies são capazes de colonizar com sucesso esse ambiente específico (EDWARDS *et al.*, 2015; BULGARELLI *et al.*, 2012; LUNDBERG *et al.*, 2012).

Portanto, concluímos que, em nosso estudo, a seleção das assembléias fúngicas na endosfera pode ter sido influenciada por fatores como as condições ambientais locais juntamente com a competição por nutrientes entre os microrganismos. Além disso, aparentemente tivemos o rizoplano atuando como um filtro seletivo, moldando a composição das comunidades fúngicas a partir do solo e rizosfera em direção à endosfera. Esse resultado é

importante e deve ser considerado em estratégias futuras de manipulação e bioprospecção das assembleias fúngicas de manguezais para ações de restauração ou biorremediação. Dessa forma, a depender da estratégia escolhida, deve-se focar no solo (que abriga a mesma composição da rizosfera) ou na endosfera.

Quão diferentes em termos funcionais os microrganismos que habitam essas duas porções são também é outra pergunta importante para saber-se qual compartimento abriga mais táxons que contribuem para o crescimento e estabelecimento das plantas de mangue os quais possam ser estimulados ou manipulados visando melhorar as estratégias de restauração de manguezais.

9 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Nesse estudo, fornecemos a descrição e uma análise abrangente da diversidade e composição fúngica nos compartimentos associados às raízes de *Rhizophora mangle* (solo, rizosfera e endosfera) em três áreas distintas de um manguezal. Nossas observações revelaram que a diversidade e composição de fungos variam entre os diferentes compartimentos estudados. Encontramos semelhanças entre o solo e a rizosfera, enquanto a endosfera apresentou composição e diversidade distintas. Nós também identificamos uma influência significativa das características ambientais locais na estrutura das comunidades fúngicas.

Os achados desse trabalho destacam ainda uma tendência na composição fúngica dos manguezais em resposta às mudanças sazonais. Notamos uma maior conservação da composição fúngica durante os períodos chuvoso e seco, com maior variabilidade observada durante a transição entre esses períodos. Isso sugere que as variações sazonais no ambiente podem desempenhar um papel crucial nas interações ecológicas entre as espécies fúngicas, resultando em mudanças na composição da comunidade ao longo do tempo.

Esses resultados mostram a complexidade dos ecossistemas manguezais e ressaltam a importância de considerar fatores ambientais específicos ao estudar a ecologia fúngica. Apesar dos desafios na identificação taxonômica, nosso estudo contribui para um melhor entendimento da diversidade fúngica nos manguezais e destaca a necessidade contínua de pesquisas para elucidar os padrões e processos que regem esses importantes ecossistemas costeiros.

Os resultados deste estudo sobre a diversidade e composição fúngica nos manguezais oferecem insights valiosos que podem ser aplicados em diversas estratégias de conservação desses ecossistemas costeiros. A identificação de áreas prioritárias para conservação, o monitoramento ambiental baseado em mudanças na comunidade fúngica, a integração dessas descobertas em projetos de restauração e reabilitação, destacando a importância de considerar os aspectos sazonais na gestão e conservação desses ecossistemas, bem como a sensibilização das comunidades locais e a integração com planos de gestão costeira são algumas das formas pelas quais nossos resultados podem ser utilizados para promover a conservação dos manguezais.

Ao reconhecer a importância dos microrganismos fúngicos nos manguezais e sua relação com a saúde e resiliência desses ecossistemas, podemos fortalecer as iniciativas de conservação e garantir a sustentabilidade desses ambientes únicos e essenciais para a biodiversidade e o bem-estar humano.

10 CONCLUSÃO

Neste estudo, investigamos a diversidade e composição fúngica nos compartimentos associados às raízes de *Rhizophora mangle* em diferentes áreas de um manguezal, observando variações significativas entre os compartimentos e influências das características ambientais locais. Destacamos também o efeito das mudanças sazonais na composição fúngica, evidenciando a complexidade dinâmica dos ecossistemas manguezais.

Nossos resultados fornecem percepções valiosas que podem ser aplicadas em estratégias de conservação, monitoramento ambiental, projetos de restauração e reabilitação, bem como na gestão e conservação desses ecossistemas. Ao tomar consciência da importância crucial dos microrganismos fúngicos na manutenção da saúde e resiliência dos manguezais, principalmente diante do cenário atual de mudanças climáticas, podemos fortalecer as iniciativas de conservação e garantir a sustentabilidade desses ambientes essenciais para todas as formas de vida.

Portanto, este estudo contribui para um melhor entendimento da ecologia fúngica nos manguezais, ressaltando a necessidade contínua de pesquisa e ações de conservação para proteger esses ecossistemas únicos e vitais. Ao integrar esses conhecimentos em estratégias de gestão costeira e conscientização pública, podemos promover efetivamente a conservação dos manguezais e garantir seu papel crucial na sustentabilidade ambiental global.

REFERÊNCIAS

- ABARENKOV, K. *et al.* **UNITE QIIME release for Fungi**. Version 18.07.2023. UNITE Community. Disponível em: <https://doi.org/10.15156/BIO/2938079>. Acesso em: 18 maio 2024.
- ADAME, M. *et al.* Future carbon emissions from global mangrove forest loss. **Glob Change Biol.**, v. 27, p. 2856–2866, 2021.
- AHRENDT, S. *et al.* Leveraging single-cell genomics to expand the fungal tree of life. **Nature Microbiology**, v. 3, p. 1417–1428, 2018.
- ALLARD, S. *et al.* Introducing the Mangrove Microbiome Initiative: Identifying Microbial Research Priorities and Approaches To Better Understand, Protect, and Rehabilitate Mangrove Ecosystems. **mSystems**, v. 5, p. 1-9, 2020.
- ALONGI, D. Bacterial productivity and microbial biomass in tropical mangrove sediments. **Microbial Ecology**, v. 15, p. 59–79, jan. 1988.
- ALONGI, D.; CHRISTOFFERSEN, P; TIRENDI, F. The influence of forest type on microbial-nutrient relationships in tropical mangrove sediments. **J. Exp. Mar. Biol. Ecol.**, v. 171, p. 201-223, 1993.
- ALONGI, D. M. Carbon sequestration in mangrove forests. **Carbon Management**, v. 3, p. 313–322, 2012.
- ALONGI, D. M. Carbon Cycling and Storage in Mangrove Forests. **Annu. Rev. Mar. Sci.**, v. 6, p. 195–219, 2014.
- ALONGI, D. Global Significance of Mangrove Blue Carbon in Climate Change Mitigation. **Sci.**, v. 2, p. 1-15, 2020.
- ALONGI, D. Impact of Global Change on Nutrient Dynamics in Mangrove Forests. **Forests**, v. 9, p. 1-13, 2018.
- ALMAHASHEER, H. Spatial coverage of mangrove communities in the Arabian Gulf. **Environ Monit Assess**, v. 190, p. 1-10, 2018.
- ÁLVAREZ-BARRAGÁN, J.; CRAVO-LAUREAU, C.; WICK, L.; DURAN, R. Fungi in PAH-contaminated marine sediments: Cultivable diversity and tolerance capacity towards PAH. **Mar Pollut Bull**, v. 164, p. 1-12, 2021.
- ALZARHANI, A. *et al.* Are drivers of root-associated fungal community structure context specific? **The ISME Journal**, v. 13, p. 1330–1344, 2019.
- AMANN, R.; LUDWIG, W.; SCHLEIFER, K. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. **Microbiological reviews**, v. 59, p. 143–169, 1995.

ANDERSON, I.; CAIRNEY, J. Diversity and ecology of soil fungal communities: increased understanding through the application of molecular techniques. **Environmental Ecology**, v. 6, p. 769-779, 2004.

ANDREOTE, F. *et al.* The microbiome of Brazilian mangrove sediments as revealed by metagenomics. **PLoS one**, v. 7, n. 6, p. 1-14, 2012.

ANDREWS, S. **FastQC A Quality Control tool for High Throughput Sequence Data**. Cambridge: Babraham Bioinformatics, 2012. Disponível em: <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>. Acesso em: 18 maio 2024.

ATLAS, R. Oil biodegradation and bioremediation: a tale of the worst spills in U.S. history. **Environ. Sci. Technol.**, v. 45, p. 6709–6715, 2011.

BADRI, D. *et al.* Application of natural blends of phytochemicals derived from the root exudates of Arabidopsis to the soil reveal that phenolic-related compounds predominantly modulate the soil microbiome. **J Biol Chem.**, v. 288, p. 4502-4512, 2013.

BAIS, H. *et al.* The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms. *Annu Rev Plant Biol.*, v. 57, p. 233-266, 2006.

BALU, S.; BHUNIA, S.; GACHHUI, R.; MUKHERJEE, J. Assessment of polycyclic aromatic hydrocarbon contamination in the Sundarbans, the world's largest tidal mangrove forest and indigenous microbial mixed biofilm-based removal of the contaminants. **Environ Pollut**, v. 266, p. 1-10, 2020.

BANDARANAYAKE, W. Bioactivities, bioactive compounds and chemical constituents of mangrove plants. **Wetlands Ecology and Management**, v. 10, p. 421–452, 2002.

BARBIER, E. *et al.* The value of estuarine and coastal ecosystem services. **Ecological Monographs**, v. 81, p. 169-193, 2011.

BARBOSA, J. *et al.* Bactérias e fungos benéficos na endosfera das plantas. **Revista Agroambiental**, v.7, p. 99-116, 2015.

BARROSO, H. *et al.* Intra-annual variability of phytoplankton biomass and nutrients in a tropical estuary during a severe drought. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, v. 213, p. 283–293, 2018.

BASAK, P. *et al.* Bacterial diversity assessment of pristine mangrove microbial community from Dhulibhashani, Sundarbans using 16S rRNA gene tag sequencing. **Genomics Data**, v. 7, p. 76–78, 2016.

BASHAN, Y.; HOLGUIN, G. Plant growth-promoting bacteria: a potential tool for arid mangrove reforestation. **Trees**, v. 16, p. 159-166, 2002.

BEECK, M. *et al.* Comparison and Validation of Some ITS Primer Pairs Useful for Fungal Metabarcoding Studies. **PLoS ONE**, v. 9, p. 1-11, 2014.

BEHERA, P. *et al.* Spatial and temporal heterogeneity in the structure and function of sediment bacterial communities of a tropical mangrove forest. **Environ Sci Pollut Res**, v. 26, p. 3893–3908, 2019.

BERBEE; M. JAMES; T.; STRULLU-DERRIEN, C. Early Diverging Fungi: Diversity and Impact at the Dawn of Terrestrial Life. **Annu. Rev. Microbiol.**, v. 71, p. 41–60, 2017.

BERNER, R. Sedimentary pyrite formation. **Am. J. Sci.**, v. 268, p. 1–23, 1970.

BERENDSEN, R.; PIETERSE, C.; BAKKER, P. A. The rhizosphere microbiome and plant health. **Trends in Plant Science**, v. 17, p. 1360-1385, 2012.

BERTIN, C.; YANG, X.; WESTON, L. The role of root exudates and allelochemicals in the rhizosphere. **Plant Soil.**, v. 256, p. 67-83, 2003.

BEZERRA, W. **Microbioma de sedimentos de manguezais brasileiros e seu potencial biotecnológico**. 153f. Tese (Doutorado em Biotecnologia) - Centro de Ciências, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2015. Disponível em: https://repositorio.ufc.br/bitstream/riufc/58746/7/2015_tese_wmbezerra.pdf. Acesso em: 22 maio 2022.

BLACKWELL, M. The fungi: 1, 2, 3... 5.1 million species? **Am. J. Bot.**, v. 98, p. 426–438, 2011.

BRASIL. Lei nº 12. 651, de 25 de maio de 2012. **Diário Oficial da União**, 28 maio 2012. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2011-2014/2012/lei/112651.htm. Acesso em: 20 maio 2022.

BRAGA, J.; PRINCE, R.; HARNER, E.; ATLAS, R. Effectiveness of bioremediation for the Exxon Valdez oil spill. **Nature**, v. 368, p. 413–418, 1994.

BROECKLING, C. *et al.* Root exudates regulate soil fungal community composition and diversity. **Appl Environ Microbiol.**, v. 74, p. 738-744, 2008.

BRZOSTEK, E.; GRECO, A.; DRAKE, J.; FINZI, A. Root carbon inputs to the rhizosphere stimulate extracellular enzyme activity and increase nitrogen availability in temperate forest soils. **Biogeochemistry**, v. 115, p. 65–76, 2013.

BRULE, T. *et al.* The most heat-resistant conidia observed to date are formed by distinct strains of *Paecilomyces variotii*. **Environmental Microbiology**, v. 22, p. 986-999, 2020.

BORGES, R.; FERREIRA, A.; LACERDA, L. Systematic Planning and Ecosystem-Based Management as Strategies to Reconcile Mangrove Conservation with Resource Use. **Front. Mar. Sci.**, v. 4, p. 1-13, 2017.

BOWMIK, A.; PADMANABAN, R.; CABRAL, P.; ROMEIRAS, M. Global Mangrove Deforestation and Its Interacting Social-Ecological Drivers: A Systematic Review and Synthesis. **Sustainability**, v. 14, p. 1-24, 2022.

BULGARELLI, D. *et al.* Structure and Functions of the Bacterial Microbiota of Plants. **Annual Review of Plant Biology**, v. 64, p. 807–838, 2013.

BULGARELLI, D. *et al.* Revealing structure and assembly cues for Arabidopsis root inhabiting bacterial microbiota. **NATURE**, v. 488, p. 91-95, 2012.

BUNTING, P. *et al.* The Global Mangrove Watch—A New 2010 Global Baseline of Mangrove Extent. **Remote Sens**, v. 10, p. 1-19, 2018.

BUNTING, P. *et al.* Global Mangrove Extent Change 1996–2020: Global Mangrove Watch Version 3.0. **Remote Sens**, v. 14, p. 1-32, 2022.

CAPUTO, H. P.; CAPUTO, A. N. **Mecânica dos solos e suas aplicações**. 7. ed. rev. e ampl. Rio de Janeiro: LTC, 2017. 711 p.

CALLAHAN, B.; MCMURDIE, P.; HOLMES, S. Exact sequence variants should replace operational taxonomic units in marker-gene data analysis. **ISME J.**, v. 11, p. 2639–2643, 2017.

CHI, W. *et al.* A highly diverse fungal community associated with leaves of the mangrove plant *Acanthus ilicifolius* var. *xiamenensis* revealed by isolation and metabarcoding analyses. **PeerJ**, v. 7, p. 1-20, 2019.

CLARKE, K. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure. **Australian Journal of Ecology**, v.18, p. 117-143, 1993.

CHRISTIANSON, A. *et al.* The Promise of Blue Carbon Climate Solutions: Where the Science Supports Ocean-Climate Policy. **Front. Mar. Sci.**, v. 9, p. 1-16, 2022.

COLARES, G. B.; MELO, V. M. M. Relating microbial community structure and environmental variables in mangrove sediments inside *Rhizophora mangle* L. habitats. **Applied Soil Ecology**, v. 64, p. 171–177, 2013.

COLARES, G. B. **Ecologia Microbiana em Sedimentos de Manguezais do Estado do Ceará**. 162 f. Tese (Doutorado em Ciências Marinhas Tropicais) – Instituto de Ciências do Mar, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2014. Disponível em: <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/17709>. Acesso em: 26 jul. 2023.

COLIN, S. *et al.* Quantitative 3D-imaging for cell biology and ecology of environmental microbial eukaryotes. **eLife**, v. 6, p. 1-15, 2017.

COMAS, L.; CALLAHAN, H.; MIDFORD, P. Patterns in root traits of woody species hosting arbuscular and ectomycorrhizas: Implications for the evolution of belowground strategies. **Ecol Evol.**, v. 4, p. 2979–2990, 2014.

CONDON, L.; ATCHLEY, A.; MAXWELL, R. Evapotranspiration depletes groundwater under warming over the contiguous United States. **Nat Commun**, v. 11, p.1–8, 2020.

COTTON, T. Fungi in the future: interannual variation and effects of atmospheric change on arbuscular mycorrhizal fungal communities. **New Phytol.**, v. 205, p. 1598–1607, 2015.

- DAS, S. *et al.* Antidiabetic potential of mangrove plants: a review. **Frontiers in Life Science**, v. 9, p. 75-88, 2016.
- DASTOGEER, K. *et al.* Plant microbiome—an account of the factors that shape Community composition and diversity. **Current Plant Biology**, v. 23, p. 1-9, 2020.
- DEBBAB, A; ALY, A; PROKSCH, P. Mangrove derived fungal endophytes – a chemical and biological perception. **Fungal Diversity**, v. 61, p.1–27, 2013.
- DEVADATHA, B. *et al.* Occurrence and geographical distribution of mangrove fungi. **Fungal Diversity**, v. 106, p. 137–227, 2021.
- DE VRIES, F. *et al.* biotic drivers and plant traits explain landscape-scale patterns in soil microbial communities. **Ecol Lett.**, v.15, p. 1230–1239, 2012.
- DONATO, D. *et al.* Mangroves among the most carbon-rich forests in the tropics. **Nature Geoscience**, v. 4, p. 293-297, 2011.
- DUKE, N. *et al.* A world without mangroves? **Science**, v.317, p. 41-42, 2007.
- DUKE, N. Oil spill impacts on mangroves: recommendations for operational planning and action based on a global review. **Mar. Pollut. Bull.**, v. 109, p. 700–715, 2016.
- DUMBRELL, A. *et al.* Relative roles of niche and neutral processes in structuring a soil microbial Community. **The ISME Journal**, v. 4, p. 337–345, 2010.
- DUMBRELL, A. *et al.* Distinct seasonal assemblages of arbuscular mycorrhizal fungi revealed by massively parallel pyrosequencing. **New Phytol.**, v.190, p. 794–804, 2011.
- DURAN, P. *et al.* Microbial Interkingdom Interactions in Roots Promote *Arabidopsis* Survival. **Cell**, v. 175, p. 973–983, 2018.
- EDWARDS, J. *et al.* Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice. **Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.**, v. 112, p. E911–E920, 2015.
- ELLISON, A.; FELSON, A.; FRIESS, D. Mangrove Rehabilitation and Restoration as Experimental Adaptive Management. **Front. Mar. Sci.**, v.7, p. 1-19, 2020.
- EMBRAPA. **Manual de Métodos de Análise de Solo**. 3 ed. Brasília: EMBRAPA, 2017. 574 p.
- FAO. **The world's mangroves 1980-2005**, FAO Forestry Paper, Rome, 2007.
- FERREIRA, A.; LACERDA, L. Degradation and conservation of Brazilian mangroves, status and perspectives. **Ocean Coastal Manage**, v.125, p. 38–46, 2016.
- FRIESS, D. *et al.* Mangroves give cause for conservation optimism, for now. **Current Biology**, v. 30, p. 135–158, 2020.

- FRISVAD, J. *et al.* Safety of the fungal workhorses of industrial biotechnology: update on the mycotoxin and secondary metabolite potential of *Aspergillus niger*, *Aspergillus oryzae*, and *Trichoderma reesei*. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 102, p. 9481–9515, 2018.
- FRISVAD, J. *et al.* Taxonomy of *Aspergillus* section *Flavi* and their production of aflatoxins, ochratoxins and other mycotoxins. **STUDIES IN MYCOLOGY**, v. 93, p. 1–63, 2019.
- GEISER, D.; LOBUGLIO, K.; GUEIDAN, C. 5 Pezizomicotina: Eurotiomicetos. In: MCLAUGHLIN, D., SPATAFORA, J. (eds) *Sistemática e Evolução. A Mycota*, vol 7B. Springer, Berlim, Heidelberg, 2015.
- GHIZELINI, A.; MENDONÇA-HAGLER, L.; MACRAE, A. Microbial diversity in Brazilian mangrove sediments – a mini review. **Braz. J. Microbiol.**, v. 43, p. 1242–1254, 2012.
- GHOSH, A. *et al.* Culture independent molecular analysis of bacterial communities in the mangrove sediment of Sundarban, India. **Saline Syst**, v. 6, p. 1-11, 2010.
- GHOSH, A.; BHADURY, P. Exploring biogeographic patterns of bacterioplankton communities across global estuaries. **Microbiol Open**, v. 8, p. 1-17, 2019.
- GIRI, C. *et al.* Status and distribution of mangrove forests of the world using Earth observation satellite data. **Global Ecology and Biogeography**, v. 20, n. 1, p. 154–159, 2011.
- GLASENAPP, Y.; I. KORTH, I.; NGUYEN, X.; PAPENBROCK, J. Sustainable use of mangroves as sources of valuable medicinal compounds: Species identification, propagation and secondary metabolite composition. **South African Journal of Botany**, v. 121, p. 317–328, 2019.
- GOLDBERG, L.; LAGOMASINO, D.; THOMAS, N.; FATOYINBO, T. Global declines in human-driven mangrove loss. **Glob Change Biol.**, v. 26, p. 5844–5855, 2020.
- GOMES, E. *et al.* **Microrganismos promotores do crescimento de plantas**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2016. 51 p.
- GOMES, N. *et al.* Dynamics of fungal communities in bulk and maize rhizosphere soil in the tropics. **Appl. Environ. Microbiol.**, v. 69, p. 3758–3766, 2003.
- GOSTINCAR, C.; GRUBE, M.; GUNDE-CIMERMAN, N. Evolution of Fungal Pathogens in Domestic Environments? **Fungal Biology**, v. 115, p. 1008-1018, 2011.
- GUNDE-CIMERMAN, N.; ZALAR, P.; HOOG, S.; PLEMENITAS, A. Hypersaline waters in salterns natural ecological niches for halophilic black yeasts. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 32, p. 235-240, 2000.
- GUNDE-CIMERMAN; N.; RAMOS, J.; PLEMENITAS, A. Halotolerant and halophilic fungi. **Mycological research**, v. 113, p. 1231-1241, 2009.
- HALDAR, S.; NAZARÉ, S. Diversity of fungi from mangrove sediments of Goa, India, obtained by metagenomic analysis using Illumina sequencing. **Biotech**, v. 9, p. 1-5, 2019.

HAMZAH, T. *et al.* Diversity and characterization of endophytic fungi isolated from the tropical mangrove species, *Rhizophora mucronata*, and identification of potential antagonists against the soil-borne fungus, *Fusarium solani*. **Front Microbiol**, v. 9, p.1-17, 2018.

HAN, P.; SUN, J.; WANG, L. Two New Sexual *Talaromyces* Species Discovered in Estuary Soil in China. **J. Fungi**, v. 8, p. 1-11, 2022.

HANDELSMAN, J. Metagenomics: Application of Genomics to Uncultured Microorganisms. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, v. 68, p.669-685, 2004.

HAO, L. *et al.* Exploring the Potential of Natural Products From Mangrove Rhizosphere Bacteria as Biopesticides Against Plant Diseases. **Plant Disease**, v. 103, p. 2925-2932, 2019.

HARTMANN, A.; ROTHBALLER, M.; SCHMID, M. Lorenz Hiltner, a pioneer in rhizosphere microbial ecology and soil bacteriology research. **Plant Soil**, v. 312, p. 7–14, 2008.

HILL, C. *et al.* Methods for assessing the composition and diversity of soil microbial communities. **Appl Soil Ecol** , v. 15, p.25–36, 2000.

HOLGIN, G.; GUSMAN, M.; BASHAN, Y. Two new nitrogen-fixing bacteria from the rhizosphere of mangrove trees: Their isolation, identification and in vitro interaction with rhizosphere *Staphylococcus* sp. **FEMS Microbiology Ecology**, v 101, p. 207-216, 1992.

HORI, M.; BAYNE, C.; KUWAE, T. Blue Carbon: Characteristics of the Ocean's Sequestration and Storage Ability of Carbon Dioxide, Blue Carbon in Shallow Coastal Ecosystems, p.1–31, doi:10.1007/978-981-13-1295-3_1, 2018.

HOSSAIN, M.; NURUDDIN, A. Soil and mangrove: a review. **J Environ Sci Technol**, v. 9, p. 198-207, 2016.

HOWARD, J. *et al.* Clarifying the Role of Coastal and Marine Systems in Climate Mitigation. **Front. Ecol. Environ.**, v. 15, p. 42–50, 2017.

HOUBRAKEN, J.; SEIFERT, K.; SAMSON, R. *Penicillium hermansii*, a new species causing smoky mould in white button mushroom production. **Mycological Progress**, v. 18, p. 229–236, 2019.

HOUBRAKEN, J. *et al.* Classification of *Aspergillus*, *Penicillium*, *Talaromyces* and related genera (Eurotiales): An overview of families, genera, subgenera, sections, series and species. **STUDIES IN MYCOLOGY**, v. 95, p. 5–169, 2020.

HU, D. *et al.* Genome guided investigation of antibiotics producing actinomycetales strain isolated from a Macau mangrove ecosystem. **SCIENTIFIC REPORTS**, v. 8, p 1-12, 2018.

HU, D.; LEE, S.; LI, K.; MOK, K. Secondary Metabolite Production Potential of MangroveDerived *Streptomyces olivaceus*. **Mar. Drugs**, v. 9, p. 1-7, 2021.

HUERTA-DIAZ, M.; MORSE, J. A quantitative method for determination of trace metal concentrations in sedimentary pyrite. **Mar. Chem.**, v. 29, p. 119-144, 1990.

HYDE, K. *et al.* Families of Dothideomycetes. **Fungal Diversity**, v. 63, p. 1-313, 2013.

HYDE, K. *et al.* One stop shop: backbones trees for important phytopathogenic genera: I (2014). **Fungal Diversity**, v. 67, p. 21–125, 2014.

HYDE, K. *et al.* The numbers of fungi: is the descriptive curve flattening? **Fungal Diversity**, v. 103, p. 219–271, 2020.

ICMBIO. **Atlas dos Manguezais do Brasil**. Brasília: Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, 2018. 176 p. ISBN 978-85-61842-75-8.

IUCN. **Guidance for Using the IUCN Global Standard for Nature-Based Solutions**. Gland: IUCN, 2020. ISBN: 978-2-8317-2061-6.

JAKLITSCH, W; VOGLMAYR, H. Phylogenetic relationships of five genera of Xylariales and Rosasphaeria gen. nov. (Hypocreales). **Fungal Diversity**, v. 52, p.75–98, 2012.

JONES, M. *et al.* Discovery of novel intermediate forms redefines the fungal tree of life. **Nature**, v. 474, p. 200–203, 2011.

JONES, E. *et al.* Classification of marine Ascomycota, Basidiomycota, Blastocladiomycota and Chytridiomycota. **Fungal Diversity**, v. 73, p. 1–72, 2015.

KAEWCHAI, S; SOYTONG, K; HYDE, K. Mycofungicides and fungal biofertilizers. **Fungal Diversity**, v. 38, p. 25-50, 2009.

KANDELER, E. *et al.* Microbial community composition and functional diversity in the rhizosphere of maize. **Plant and Soil**, v. 238, p. 301–312, 2002.

KATHIRESAN, K. A review of studies on Pichavaram mangrove south east India. **Hydrobiologia**, v. 430, p. 185–205, 2000.

KATHIRESAN, K.; BINGHAM, B. Biology of mangroves and mangrove ecosystems. **Adv Mar Biol**, v. 40, p. 81-251, 2001.

KAUFFMAN, J. *et al.* Carbon stocks of mangroves and salt marshes of the Amazon region, Brazil. **Biol. Lett**, v. 14, p. 1-4, 2018.

KIVLIN, S.; HAWKES, C. Tree species, spatial heterogeneity, and seasonality drive soil fungal abundance, richness, and composition in neotropical rainforests. **Environ Microbiol.**, v.18, p. 4662–4673, 2016.

KOSCH, T.; SUMMERS, K. Techniques for minimizing the effects of PCR inhibitors in the chytridiomycosis assay. **Mol Ecol Resour**, v. 13, p. 230–236, 2013.

KRUYS, A.; ERIKSSON, O.; WEDIN, M. Phylogenetic relationships of coprophilous Pleosporales (Dothideomycetes, Ascomycota), and the classification of some bitunicate taxa of unknown position. **Mycological Research**, v. 110, p. 527-536, 2006.

KUSUMANINGTYAS, M. *et al.* Variability in the organic carbon stocks, sources, and accumulation rates of Indonesian mangrove ecosystems. **Estuarine, Coastal and Shelf Science**, v. 218, p. 310-323, 2018.

LACERDA, L.; BORGES, R.; FERREIRA, A. C. Neotropical mangroves: Conservation and sustainable use in a scenario of global climate change. **Aquatic Conservation-Marine and Freshwater Ecosystems**, v. 29, p. 1347-1364, 2019.

LAI, J. *et al.* A Systematic Review of the Physicochemical and Microbial Diversity of Well-Preserved, Restored, and Disturbed Mangrove Forests: What Is Known and What Is the Way Forward? **Forests**, v. 13, p. 1-23, 2022.

LEE, S. *et al.* Better restoration policies are needed to conserve mangrove ecosystems. **Nature Ecology and Evolution**, v. 3, p. 870-872, 2019.

LEE, N. *et al.* Mangrove-Associated Fungal Communities Are Differentiated by Geographic Location and Host Structure. **Front. Microbiol.**, v. 10, p. 1-9, 2019.

LEWIS, R.; BROWN, B.; FLYNN, L. Methods and Criteria for Successful Mangrove Forest Rehabilitation. *In*: PERILO, G.; WOLANSKI, E.; CAHOON, D.; HOPKINSON, C (Ed). **Coastal Wetlands An Integrated Ecosystem Approach**. Amsterdam: Elsevier, 2019. 1105p. ISBN: 978-0-444-63893-9.

LI, J. *et al.* Community Assembly of Fungi and Bacteria along Soil-Plant Continuum Differs in a Zoige Wetland. **Microbiology Spectrum**, v. 10, p. 1-36. 2022.

LI, P. *et al.* Metabarcoding reveals differences in fungal communities between unflooded versus tidal flat soil in coastal saline ecosystem. **Science of the Total Environment**, v. 690, p. 911–922, 2019.

LIN, X. *et al.* Mangrove Sediment Microbiome: Adaptive Microbial Assemblages and Their Routed Biogeochemical Processes in Yunxiao Mangrove National Nature Reserve, China. **Microb Ecol**, v. 78, p. 57–69, 2019.

LIU, P. *et al.* Pyrosequencing reveals fungal communities in the rhizosphere of Xinjiang Jujube. **Biomed Res Int**, p. 1-9, 2015.

LIU, M.; HUANG, H.; BAO, S.; TONG, Y. Microbial community structure of soils in Bamenwan mangrove wetland. **Sci Rep**, v. 9, p. 1-11, 2019.

LIU, X. *et al.* Revealing structure and assembly for rhizophyte-endophyte diazotrophic community in mangrove ecosystem after introduced *Sonneratia apetala* and *Laguncularia racemosa*. **Science of the Total Environment**, v. 721, p. 1-11, 2020.

LO, E.; DUKE, N.; SUN, M. Phylogeographic pattern of *Rhizophora* (Rhizophoraceae) reveals the importance of both vicariance and long-distance oceanic dispersal to modern mangrove distribution. **BMC Evol Biol**, v. 14, p.1-15, 2014.

- LOGANATHACHETTI, D.; POOSAKKANNU, A.; MUTHURAMAN, S. Fungal community assemblage of different soil compartments in mangrove ecosystem. **Scientific RePortS**, v. 7, p. 1-9, 2017.
- LOVELOCK, C.; BARBIER, E.; DUARTE, C. Tackling the mangrove restoration challenge. **PLoS Biol**, v. 10, p. 1-15, 2022.
- LUCKING, R. *et al.* Fungal taxonomy and sequence-based nomenclature. **Nat. Microbiol.**, v. 6, p. 540–548, 2021.
- LUIS, P. *et al.* Contrasted ecological niches shape fungal and prokaryotic community structure in mangroves sediments. **Environ Microbiol**, v. 21, p. 1407–1424, 2019.
- LUNDBERG, D. *et al.* Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome. **NATURE**, v. 488, p. 86-90, 2012.
- MA, J. *et al.* Spatial and Temporal Variation in Microbial Diversity and Community Structure in a Contaminated Mangrove Wetland. **Appl Sci**, v. 10, p. 1-15, 2020.
- MACHADO, L. *et al.* Tracking Mangrove Oil Bioremediation Approaches and Bacterial Diversity at Different Depths in an in situ Mesocosms System. **Front. Microbiol.**, v. 10, p. 1-14, 2019.
- MADIGAN, M. *et al.* **Microbiologia de Brock**. 14. ed. Porto Alegre: Artmed, 2016. 987 p.
- MARTIN, M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. **EMBnet.journal**, v. 1, p. 10-12, 2011.
- MENDES, L.; TSAI S. Variations of bacterial community structure and composition in mangrove sediment at different depths in Southeastern Brazil. **Diversity**, v. 6, p.827–843, 2014.
- MENG, Y. *et al.* Relationships between above-and below-ground carbon stocks in mangrove forests facilitate better estimation of total mangrove blue carbon. **Carbon Balance Manage**, v. 16, p. 1-14, 2021.
- MENG, S. *et al.* Interactions between heavy metals and bacteria in mangroves. **Mar Pollut Bull**, v.172, p. 1-8, 2021.
- MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. **Histórico ODS**. Brasília, 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/mma/pt-br/acao-a-informacao/informacoes-ambientais/historico-ods>. Acesso em: 10 jul. 2023.
- MISHRA, R.; SWAIN, M.; DANGAR, T.; THATOI, H. Diversity and seasonal fluctuation of predominant microbial communities in Bhitarkanika, a tropical mangrove ecosystem in India. **Rev. Biol. Trop.**, v. 60, p. 909-924, 2012.
- MISHRA, P. *et al.* Coinoculation of *Rhizobium leguminosarum*-PR1 with a cold tolerant *Pseudomonas* sp. improves iron acquisition, nutrient uptake and growth of field pea (*Pisum sativum* L.). **J Plant Nut**, v. 35, p.243-256, 2012.

- MOREIRA, F.; SIQUEIRA, J. **Microbiologia e Bioquímica do Solo**. Lavras: Editora UFLA, 2002. 729p.
- MORELLI, F.; BENEDETTI, Y.; PERNA, P.; SANTOLINI, R. Associations among taxonomic diversity, functional diversity and evolutionary distinctiveness vary among environments. **Ecological Indicators**, v. 88, p. 8-16, 2018.
- NAIR, H.; VINCENT, H.; BHAT, S. Evaluation of five in situ lysis protocols for PCR amenable metagenomic DNA from mangrove soils. **Biotechnology Reports**, v. 4, p.134–138, 2014.
- NAM, V. *et al.* Carbon stocks in artificially and naturally regenerated mangrove ecosystems in the Mekong Delta. **Wetl Ecol Manag.**, v. 24, p. 231–244, 2016.
- NEDWELL, D.; BLACKBURN, T.; WIEBE, W. Dynamic nature of the turnover of organic carbon, nitrogen and sulphur in the sediments of a Jamaican mangrove forest. **Mar Ecol Prog Ser**, v. 110, p. 223–231, 1994.
- OLIVEIRA, V. *et al.* Microorganisms: the secret agents of the biosphere, and their key roles in biotechnology. **Biota Neotropica**, v. 22, p. 1-10, 2022.
- OHM, R. *et al.* Diverse Lifestyles and Strategies of Plant Pathogenesis Encoded in the Genomes of Eighteen Dothideomycetes Fungi. **PLoS Pathog**, v. 8, p. 1-26, 2012.
- ONYENA, A.; SAM, K. A review of the threat of oil exploitation to mangrove ecosystem: Insights from Niger Delta, Nigeria. **Glob Ecol Conserv**, v. 22, p. 1-12, 2020.
- PALIT, K.; RATH, S.; CHATTERJEE, S.; DAS, S. Microbial diversity and ecological interactions of microorganisms in the mangrove ecosystem: Threats, vulnerability, and adaptations. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 29, p. 32467-32512, 2022.
- PANG, K. *et al.* ‘Marine fungi’ and ‘marine-derived fungi’ in natural product chemistry research: toward a new consensual definition. **Fungal Biol.**, v. 30, p. 163–175, 2016.
- PANNO, L. *et al.* Diversity, ecological role and potential biotechnological applications of marine fungi associated to the seagrass *Posidonia oceanica*. **New Biotechnology**, v. 30, p. 685-694, 2013.
- PATRA, J.; THATOI, H. Metabolic diversity and bioactivity screening of mangrove plants: a review. **Acta Physiol Plant**, v.33, p. 1051-1061, 2011.
- PEAY, K; GARBELOTTO, M; BRUNS, T. Evidence of dispersal limitation in soil microorganisms: Isolation reduces species richness on mycorrhizal tree islands. **Ecology**, v. 91, p. 3631–3640, 2010.
- PEIXOTO, R. *et al.* Bacterial communities reflect the spatial variation in pollutant levels in Brazilian mangrove sediment. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 99, p. 341–354, 2011.
- PEHKONEN, S. Determination of the oxidation states of iron in natural waters. A review. **Analyst**, v. 120, p. 2655-2663, 1995.

PELAGE, L. *et al.* Coastal Land Use in Northeast Brazil: Mangrove Coverage Evolution Over Three Decades. **Trop. Conserv. Sci.**, v. 12, p. 1-15, jan. 2019.

PEM, D. *et al.* Species concepts of Dothideomycetes: classification, phylogenetic inconsistencies and taxonomic standardization. **Fungal Diversity**, v. 109, p. 283–319, 2021.

PRIHA, O.; HALLANTIE, T.; SMOLANDER, A. Comparing microbial biomass, denitrification enzyme activity, and numbers of nitrifiers in the rhizospheres of *Pinus sylvestris*, *Picea abies* and *Betula pendula* seedlings by microscale methods. **Biol Fertil Soils**, v. 30, p. 14–19, 1999.

PURAHONG, W. *et al.* Plant Microbiome and Its Link to Plant Health: Host Species, Organs and *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* Infection Shaping Bacterial Phyllosphere Communities of Kiwifruit Plants. **Front. Plant Sci.**, v. 9, p. 1-16, 2018.

PURAHONG, W. *et al.* First Insights into the Microbiome of a Mangrove Tree Reveal Significant Differences in Taxonomic and Functional Composition among Plant and Soil Compartments. **Microorganisms**, v.7, p. 1-19, 2019.

ROCHA, L. *et al.* Distinct habitats select particular bacterial communities in mangrove sediments. **Int J Microbiol**, v. 2016, p. 1-6, 2016.

QIAN, X. *et al.* Leaf and Root Endospheres Harbor Lower Fungal Diversity and Less Complex Fungal Co-occurrence Patterns Than Rhizosphere. **Front. Microbiol.**, v. 10, p. 1-15. 2019.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2022. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 18 maio 2024.

REEF, R.; FELLER, I.; LOVELOCK, C. Nutrition of mangroves. **Tree Physiol.**, v. 30, p. 1148-1160, 2010.

RENGEL, Z.; MARSCHNER, P. Nutrient availability and management in the rhizosphere: exploiting genotypic differences. **New Phytologist**, v. 168, p. 305-312, 2005.

RICHARDS, T.; JONES, M.; LEONARD, G.; BASS, D. Marine Fungi: Their Ecology and Molecular Diversity. **Annu. Rev. Mar. Sci.**, v. 4, p. 495–522, 2012.

RINEAU, F. *et al.* Carbon availability triggers the decomposition of plant litter and assimilation of nitrogen by an ectomycorrhizal fungus. **The ISME Journal**, v. 7, p. 2010-2022, 2013.

RODRÍGUEZ-GARCÍA, C. *et al.* Antioxidant, antihypertensive, antihyperglycemic, and antimicrobial activity of aqueous extracts from twelve native plants of the Yucatan coast. **PLoS ONE**, v. 14, p. 1-17, 2019.

ROGNES, T. *et al.* VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics. **PeerJ**, v. 4, p. e2584, 2016.

- ROSSMAN, A. *et al.* Overlooked competing asexual and sexually typified generic names of Ascomycota with recommendations for their use or protection. **IMA FUNGUS**, v. 7, p. 289–308, 2016.
- SADDEER, N; ZENGIN, G; MAHOMOODALLY, M. Biotechnological applications of mangrove plants and their isolated compounds in medicine-a mechanistic overview. **Crit Rev Biotechnol**, p. 1-23, 2022.
- SAN-AN, N. *et al.* Relationships Between Abundance of Microbial Functional Genes and the Status and Fluxes of Carbon and Nitrogen in Rice Rhizosphere and Bulk Soils. **Pedosphere**, v. 24, p. 645–651, 2014.
- SANDILYAN, S; KATHIRESAN, K. Mangrove conservation: a global perspective. **Biodivers Conserv**, v. 21, p. 3523–3542, 2012.
- SANDERS, C. *et al.* Are global mangrove carbon stocks driven by rainfall? **J. Geophys. Res. Biogeosci.**, v.121, p. 2600–2609, 2016.
- SANGKANU, S.; RUKACHAISIRIKUL, V.; SURIYACHADKUN, C.; PHONGPAICHIT, S. Evaluation of antibacterial potential of mangrove sediment-derived actinomycetes. **Microbial Pathogenesis**, v. 112, p. 303–312, 2017.
- SANTANA, C. *et al.* Effects of tidal influence on the structure and function of prokaryotic communities in the sediments of a pristine Brazilian mangrove. **Biogeosciences**, v. 18, p. 2259–2273, 2021.
- SANTOS, J. **Salinity as a key selector on the activity and diversity of ammonia oxidizers in estuarine systems**. 167f. Dissertação (Mestre em Ciências do Mar - Recursos Marinhos) - Instituto de Ciências Biomédicas Abel Salazar, Universidade do Porto, Porto, 2011. Disponível em: <https://repositorio-aberto.up.pt/bitstream/10216/88578/2/169326.pdf>. Acesso em: 21 jun 2023.
- SANTOS, H. *et al.* 18S rDNA Sequences from Microeukaryotes Reveal Oil Indicators in Mangrove Sediment. **PLoS ONE**, v. 5, p. 1-8, 2010.
- SARMA, V.; HYDE, K. A review on frequently occurring fungi in mangroves. **Fungal Divers**, v. 8, p.1-34, 2011.
- SASSE, J.; MARTINOIA, E.; NORTHEN, T. Feed Your Friends: Do Plant Exudates Shape the Root Microbiome? **Trends in Plant Science**, v. 23, p. 25-41, 2018.
- SCHAEFFER-NOVELLI, Y. **Manguezal**: ecossistema entre a terra e o mar. São Paulo: Caribbean Ecological Research, 1995. 64 p.
- SCHAEFFER-NOVELLI, Y.; CINTRON-MOLERO, G.; ADAIME, R.; CAMARGO, T. Variability of Mangrove Ecosystems Along the Brazilian Coast. **Estuaries**, v. 13, p. 204-218, 1990.

- SCHMIDT, J.; BOWLES, T.; GAUDIN, A. Using Ancient Traits to Convert Soil Health into Crop Yield: Impact of Selection on Maize Root and Rhizosphere Function. **Front. Plant Sci.**, v.7, p. 1-11, 2016.
- SCHMIDT, T. The maturing of microbial ecology. **INT. MICROBIOL.**, v. 9, p. 217- 223, 2006.
- SCHNEIDER, P.; MISIEK, M.; HOFFMEISTER, D. In vivo and in vitro production options for fungal secondary metabolites. **Mol. Pharm v. 5**, p. 234–242, 2008.
- SCHOCH, C. *et al.* The Ascomycota Tree of Life: A Phylum-wide Phylogeny Clarifies the Origin and Evolution of Fundamental Reproductive and Ecological Traits. **Systematic Biology**, v. 58, p. 224–239, 2009.
- SCHULTE, E. E.; HOPKINS, B. G. Estimation of soil organic matter by weight loss-ignition. In: MAGDOFF, F. R.; TABATABAI, M.A.; HANLON Jr., E. A. **Soil organic matter: Analysis and interpretation**. Madison, p. 21-31, 1996.
- SEMACE. **Atlas dos manguezais do Nordeste do Brasil**: avaliação das áreas de manguezais dos Estados do Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco. Universidade Federal do Ceará, Instituto de Ciências do Mar e outros, Fortaleza: SEMACE, 2006.
- SHEPARD, F.P. Nomenclature based on sand-silt-clay ratios. **Journal of Sedimentary Petrology**, v. 24, p. 151-158, 1954.
- SHI, S. *et al.* Effects of selected root exudate components on soil bacterial communities. **FEMS Microbiol Ecol.**, v. 77, p. 600-610, 2011.
- SIMÃO, C.; DANIEL, R. Achievements and new knowledge unraveled by metagenomic approaches. **Appl Microbiol Biotechnol**, v. 85, p. 265-276, 2009.
- SMIT, E. *et al.* Analysis of fungal diversity in the wheat rhizosphere by sequencing of cloned PCR-amplified genes encoding 18S rRNA and temperature gradient gel electrophoresis. **Appl. Environ. Microbiol.** v. 65, p. 2614–2621, 1999.
- SIMÕES, M. *et al.* Soil and Rhizosphere Associated Fungi in Gray Mangroves (*Avicennia marina*) from the Red Sea — A Metagenomic Approach. **Genomics, Proteomics & Bioinformatics**, v. 13, p. 310-320, 2015.
- SMITH, S.; JAKOBSEN, I.; GRØNLUND, M.; SMITH, F. Roles of Arbuscular Mycorrhizas in Plant Phosphorus Nutrition: Interactions between Pathways of Phosphorus Uptake in Arbuscular Mycorrhizal Roots Have Important Implications for Understanding and Manipulating Plant Phosphorus Acquisition. **Plant Physiology**, v. 156, p. 1050–1057, 2011.
- SPALDING, M.; KAINUMA, M.; COLLINS L. **World Atlas of Mangroves**. Earthscan: Londres, 2010. 319 p.
- SPALDING, M.; PARRETT, C. Global patterns in mangrove recreation and tourism. **Marine Policy**, v. 110, p. 1-8, 2019.

STALEY, J. Measurement of in situ activities of nonphotosynthetic microorganisms in aquatic and terrestrial habitats. **Ann. Rev. Microbiol.**, v. 39, p. 321-346, 1985.

STEELE, H.; STREIT, W. Metagenomics: Advances in ecology and biotechnology. **FEMS Microbiology Letters**, v. 247, p. 105–111, 2005.

STEWART-SINCLAIR, P.; KLEIN, C.; BATEMAN, I; LOVELOCK, C. Spatial cost-benefit analysis of blue restoration and factors driving net benefits globally. **Conserv Biol.**, v. 35, p.1850–1860, 2021.

SRILATHA, G.; VARADHARAJAN, D.; CHAMUNDEESWARI, K.; MAYAVU, P. Study on physico-chemical parameters in different mangrove regions Southeast Coast of India. **J Environ Anal Toxicol**, v. 3, p. 1-8, 2013.

SRIKANTH,S.; LUM, S.; CHEN, Z. Mangrove root: adaptations and ecological importance. **Trees**, v. 30, p. 451–465, 2016.

SU, J.; FRIESS, D.; GASPARATOS, A. A meta-analysis of the ecological and economic outcomes of mangrove restoration. **NATURE COMMUNICATIONS**, v. 12, p. 1-13, 2021.

SUETRONG, S. *et al.* Molecular systematics of the marine Dothideomycetes. **Studies in Mycology**, v. 64, p. 155–173, 2009.

SUN, X. *et al.* Root-associated (rhizosphere and endosphere) microbiomes of the *Miscanthus sinensis* and their response to the heavy metal contamination. **Journal of Environmental Sciences**, v. 104, p. 387–398, 2021.

TAVARES, T. *et al.* Brazilian Semi-Arid Mangroves-Associated Microbiome as Pools of Richness and Complexity in a Changing World. **Front. Microbiol.**, v. 12, p. 1-18, 2021.

TEDERSOO, L. *et al.* Global diversity and geography of soil fungi. **Science.**, v. 346, p. 1256688, 2014.

TEDERSOO, L. *et al.* Tree diversity and species identity effects on soil fungi, protists and animals are context dependent. **ISME J.**, v.10, p.1–17, 2015.

TEDERSOO, L. *et al.* Identifying the ‘unidentified’ fungi: a global-scale long-read third-generation sequencing approach. **Fungal Diversity**, v. 103, p. 273–293, 2020.

THATOI, H.; BISWAL, A. Mangroves of Orissa coast: floral diversity and conservation status. **ENVIS Wild Life And Protected Area**, v. 11, p. 201–207, 2008.

THATOI, H.; BEHARA, B.; MISHRA, R.; DUTTA, S. Biodiversity and biotechnological potential of microorganisms from mangrove ecosystems: a review. **Annals of Microbiology**, v. 63, p. 1-19, 2013.

TIMMY, K. *et al.* The contribution of microbial biotechnology to sustainable development goals. **Microbial Biotechnology**, v. 10, p. 984–987, 2017.

TOMLINSON, P. **The botany of mangroves**. 2 ed. New York: Cambridge University Press, 2016.

TU, Q. *et al.* Biogeographic patterns of soil diazotrophic communities across six forests in North America. **Mol. Ecol.**, v. 25, p. 2937–2948, 2016.

TURENNE, C. *et al.* Rapid identification of fungi by using the ITS2 genetic region and an automated fluorescent capillary electrophoresis system. **J Clin Microbiol**, v. 37, p. 1846–1851, 1999.

TURNER, T.; JAMES, E.; POOLE, P. The plant microbiome. **Genome Biol**, v. 14, p. 1-10, 2013.

UDDIN, M; HOSSAIN, M; AZIZ A.; LOVELOCK, C. Ecological development of mangrove plantations in the Bangladesh Delta. **For Ecol Manage**, n. 517, p. 1-10, 2022.

VAN LAVIEREN, H. *et al.* **Securing the Future of Mangroves**. UNU-INWEH, UNESCO-MAB with ISME, ITTO, FAO, UNEP-WCMC and TNC: Okinawa, 2012. 53 pp.

VAN, T. *et al.* Changes in mangrove vegetation area and character in a war and land use change affected region of Vietnam (Mui Ca Mau) over six decades. **Acta Oecol**, v.63, p. 71–81, 2016.

VANCOV, T.; KEEN, B. Amplification of soil fungal community DNA using the ITS86Fand ITS4 primers. **FEMS Microbiol Lett**, v. 296, p. 91–96, 2009.

VANEGAS, J. *et al.* Effect of salinity on fungal diversity in the rhizosphere of the halophyte *Avicennia germinans* from a semi-arid mangrove. **Fungal Ecology**, v. 42, p. 1-9, 2019.

VASUNDHARA, M.; KUMAR, A.; REDDY, M. Molecular approaches to screen bioactive compounds from endophytic fungi. **Front. Microbiol.**, v.7, p. 1-16, 2016.

WANG, L. *et al.* Differentiation between true mangroves and mangrove associates based on leaf traits and salt contents. **J Plant Ecol**, v.4, p. 292–301, 2011.

WHITE, T.; BRUNS, T.; LEE, S.; TAYLOR, J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *In*: INNIS, M.; GELFAND, D.; SNINSKY, J.; WHITE, T. (Ed). **PCR protocols: a guide to methods and applications**. United States: Academic Press. 1990, p. 315–322.

WHITMAN, W.; COLEMAN D.; WIEBE, W. Prokaryotes: the unseen majority. **Proc Natl Acad Sci U S A**, v. 12, p. 6578-6583, 1998.

WILLADINO, L. *et al.* Sistema Vascular e Exsudatos Radiculares. *In*: MICHEREFF, S.; ANDRADE, D.; MENEZES, M. (Ed.) **Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais**. Recife: UFRPE, Imprensa Universitária, 2005. 398 p.

WOESE, C. R.; KANDLER O.; WHEELIS, M. L. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 87, n. 12, p. 4576-4579, 1990.

WORTHINGTON, T.; SPALDING, M. **Mangrove Restoration Potential: A global map highlighting a critical opportunity.** <https://doi.org/10.17863/CAM.39153>, 2018.

WU, P. *et al.* Bacterial communities in the rhizospheres of three mangrove tree species from Beilun Estuary, China. **Plos One**, v. 11, p. 1-13, 2016.

XIAO, Y. *et al.* Effects of heavy metals and organic matter fractions on the fungal communities in mangrove sediments from Techeng Isle, South China. **Ecotoxicol Environ Saf**, v. 222, p. 1-9, 2021.

XU, J. Microbial ecology in the age of genomics and metagenomics: concepts, tools, and recent advances. **Molecular Ecology**, v. 15, p. 1713-1731, 2006.

XU, D. *et al.* Natural Products from Mangrove Actinomycetes. **Mar. Drugs**, v.12, p. 2590-2613, 2014.

XU, J. Bioactive natural products derived from mangrove-associated microbes. **RSC Adv.**, v. 5, p. 841-892, 2015.

XU, J.; YANG, Y; LIN, Q. Chemistry and biology of Pestalotiopsis-derived natural products. **Fungal Diversity**, v. 66, p. 37-68, 2014.

XU, J. *et al.* The structure and function of the global citrus rhizosphere microbiome. **Nat. Commun.**, v. 9, p. 1-10, 2018.

ZHANG, Y.; GUI, H.; ZHANG, S.; LI, C. Diversity and Potential Function of Prokaryotic and Eukaryotic Communities from Different Mangrove Sediments. **Sustainability**, v. 14, p. 1-16, 2022.

ZHANG, Y.; CROUS, P.; SCHOCH, C.; HYDE, K. Pleosporales. **Fungal Diversity**, v. 53, p. 1–221, 2012.

ZHANG, L. *et al.* Seasonal dynamics of rhizosphere soil microbial abundances and enzyme activities under different vegetation types in the coastal zone, shandong, China. **CLEAN–Soil, Air, Water**, v. 42, p. 1115-1120, 2014.

ZHUANG, W. *et al.* Diversity, function and assembly of mangrove root-associated microbial communities at a continuous fine-scale. **Biofilms and Microbiomes**, v. 52, p. 1-10, 2020.

ZHOU, Z. *et al.* Stratified bacterial and archaeal community in mangrove and intertidal wetland mudflats revealed by high throughput 16S rRNA gene sequencing. **Front Microbiol**, v. 8, p. 1-19, 2017.

ZUO, Y. *et al.* Fungal Endophytic Community and Diversity Associated with Desert Shrubs Driven by Plant Identity and Organ Differentiation in Extremely Arid Desert Ecosystem. **J. Fungi**, v. 7, p. 1-23. 2021.

ZUO, Y. *et al.* The importance of conditionally rare taxa for the assembly and interaction of fungal communities in mangrove sediments. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 106, p.3787–3798, 2022.

WHITE, T.; BRUNS, T.; LEE, S.; TAYLOR, J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: INNIS, M.; GELFAND, D.; SNINSKY, J.; WHITE, T. (Ed). **PCR protocols: a guide to methods and applications**. United States: Academic Press. 1990, p. 315–322.

YAO, H. *et al.* Phyllosphere epiphytic and endophytic fungal community and network structures differ in a tropical mangrove ecosystem. **Microbiome**, v. 7, p. 1-15, 2019.

APÊNDICE

Apêndice A: Dados brutos (salinidade e pH)

PERIODO	AREA	TRANSECTO	PARCELA	COMPARTIMENTO	AMOSTRA	ID	REPLICA	SALINIDADE	pH
CHUVOSO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	C1S	1	25	7,39
CHUVOSO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	C1S	1	25	7,51
CHUVOSO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	C1S	1		7,73
CHUVOSO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	C3S	1	25	7,44
CHUVOSO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	C3S	1	25	7,68
CHUVOSO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	C3S	1		7,19
CHUVOSO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	C4S	1	25	6,76
CHUVOSO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	C4S	1	25	6,77
CHUVOSO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	C4S	1		7,23
CHUVOSO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	C6S	1	25	6,82
CHUVOSO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	C6S	1	26	7,03
CHUVOSO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	C6S	1		7,21
CHUVOSO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	C7S	1	20	7,76
CHUVOSO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	C7S	1	20	7,59
CHUVOSO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	C7S	1		7,96
CHUVOSO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	C9S	1	16	7,73
CHUVOSO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	C9S	1	15	7,22
CHUVOSO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	C9S	1		5,85
CHUVOSO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	C10S	1	16	5,49
CHUVOSO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	C10S	1	17	5,78
CHUVOSO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	C10S	1		6,90
CHUVOSO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	C12S	1	15	6,88

CHUVOSO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	C12S	1	18	6,76
CHUVOSO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	C12S	1		7,22
CHUVOSO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	C13S	1	4	7,46
CHUVOSO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	C13S	1	4	6,92
CHUVOSO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	C13S	1		6,93
CHUVOSO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	C15S	1	1	7,46
CHUVOSO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	C15S	1	5	6,68
CHUVOSO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	C15S	1		6,63
CHUVOSO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	C16S	1	4	6,28
CHUVOSO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	C16S	1	3	6,52
CHUVOSO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	C16S	1		7,18
CHUVOSO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	C18S	1	5	5,16
CHUVOSO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	C18S	1	4	7,46
CHUVOSO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	C18S	1		6,99
TRANSICAO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	T1S	1	29	7,39
TRANSICAO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	T1S	1	30	7,51
TRANSICAO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	T1S	1		7,73
TRANSICAO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	T3S	1	30	7,44
TRANSICAO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	T3S	1	30	7,68
TRANSICAO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	T3S	1		7,19
TRANSICAO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	T4S	1	30	6,76
TRANSICAO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	T4S	1	31	6,77
TRANSICAO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	T4S	1		7,23
TRANSICAO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	T6S	1	30	6,82
TRANSICAO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	T6S	1	30	7,03
TRANSICAO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	T6S	1		7,21
TRANSICAO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	T7S	1	30	7,76
TRANSICAO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	T7S	1	29	7,59

TRANSICAO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	T7S	1		7,96
TRANSICAO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	T9S	1	30	7,73
TRANSICAO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	T9S	1	29	7,22
TRANSICAO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	T9S	1		5,85
TRANSICAO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	T10S	1	28	5,49
TRANSICAO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	T10S	1	30	5,78
TRANSICAO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	T10S	1		6,90
TRANSICAO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	T12S	1	31	6,88
TRANSICAO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	T12S	1	31	6,76
TRANSICAO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	T12S	1		7,22
TRANSICAO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	T13S	1	20	7,46
TRANSICAO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	T13S	1	19	6,92
TRANSICAO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	T13S	1		6,93
TRANSICAO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	T15S	1	15	7,46
TRANSICAO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	T15S	1	15	6,68
TRANSICAO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	T15S	1		6,63
TRANSICAO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	T16S	1	17	6,28
TRANSICAO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	T16S	1	18	6,52
TRANSICAO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	T16S	1		7,18
TRANSICAO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	T18S	1	18	5,16
TRANSICAO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	T18S	1	17	7,46
TRANSICAO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	T18S	1		6,99
SECO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	S1S	1	32	7,39
SECO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	S1S	1	35	7,51
SECO	1	1	1	SOLO	A1T1P1	S1S	1		7,73
SECO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	S3S	1	35	7,44
SECO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	S3S	1	33	7,68
SECO	1	1	3	SOLO	A1T1P3	S3S	1		7,19

SECO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	S4S	1	31	6,76
SECO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	S4S	1	32	6,77
SECO	1	3	1	SOLO	A1T3P1	S4S	1		7,23
SECO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	S6S	1	30	6,82
SECO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	S6S	1	28	7,03
SECO	1	3	3	SOLO	A1T3P3	S6S	1		7,21
SECO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	S7S	1	29	7,76
SECO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	S7S	1	29	7,59
SECO	2	1	1	SOLO	A2T1P1	S7S	1		7,96
SECO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	S9S	1	35	7,73
SECO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	S9S	1	35	7,22
SECO	2	1	3	SOLO	A2T1P3	S9S	1		5,85
SECO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	S10S	1	37	5,49
SECO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	S10S	1	38	5,78
SECO	2	3	1	SOLO	A2T3P1	S10S	1		6,90
SECO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	S12S	1	40	6,88
SECO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	S12S	1	36	6,76
SECO	2	3	3	SOLO	A2T3P3	S12S	1		7,22
SECO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	S13S	1	35	7,46
SECO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	S13S	1	32	6,92
SECO	3	1	1	SOLO	A3T1P1	S13S	1		6,93
SECO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	S15S	1	12	7,46
SECO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	S15S	1	25	6,68
SECO	3	1	3	SOLO	A3T1P3	S15S	1		6,63
SECO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	S16S	1	33	6,28
SECO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	S16S	1	33	6,52
SECO	3	3	1	SOLO	A3T3P1	S16S	1		7,18
SECO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	S18S	1	25	5,16

SECO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	S18S	1	29	7,46
SECO	3	3	3	SOLO	A3T3P3	S18S	1		6,99
CHUVOSO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	C1E	1	25	
CHUVOSO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	C1E	1	25	
CHUVOSO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	C1E	1		
CHUVOSO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	C3E	1	25	
CHUVOSO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	C3E	1	25	
CHUVOSO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	C3E	1		
CHUVOSO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	C4E	1	25	
CHUVOSO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	C4E	1	25	
CHUVOSO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	C4E	1		
CHUVOSO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	C6E	1	25	
CHUVOSO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	C6E	1	26	
CHUVOSO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	C6E	1		
CHUVOSO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	C7E	1	20	
CHUVOSO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	C7E	1	20	
CHUVOSO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	C7E	1		
CHUVOSO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	C9E	1	16	
CHUVOSO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	C9E	1	15	
CHUVOSO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	C9E	1		
CHUVOSO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	C10E	1	16	
CHUVOSO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	C10E	1	17	
CHUVOSO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	C10E	1		
CHUVOSO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	C12E	1	15	
CHUVOSO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	C12E	1	18	
CHUVOSO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	C12E	1		
CHUVOSO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	C13E	1	4	
CHUVOSO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	C13E	1	4	

CHUVOSO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	C13E	1	
CHUVOSO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	C15E	1	1
CHUVOSO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	C15E	1	5
CHUVOSO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	C15E	1	
CHUVOSO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	C16E	1	4
CHUVOSO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	C16E	1	3
CHUVOSO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	C16E	1	
CHUVOSO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	C18E	1	5
CHUVOSO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	C18E	1	4
CHUVOSO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	C18E	1	
TRANSICAO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	T1E	1	29
TRANSICAO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	T1E	1	30
TRANSICAO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	T1E	1	
TRANSICAO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	T3E	1	30
TRANSICAO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	T3E	1	30
TRANSICAO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	T3E	1	
TRANSICAO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	T4E	1	30
TRANSICAO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	T4E	1	31
TRANSICAO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	T4E	1	
TRANSICAO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	T6E	1	30
TRANSICAO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	T6E	1	30
TRANSICAO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	T6E	1	
TRANSICAO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	T7E	1	30
TRANSICAO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	T7E	1	29
TRANSICAO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	T7E	1	
TRANSICAO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	T9E	1	30
TRANSICAO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	T9E	1	29
TRANSICAO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	T9E	1	

TRANSICAO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	T10E	1	28	
TRANSICAO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	T10E	1	30	
TRANSICAO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	T10E	1		
TRANSICAO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	T12E	1	31	
TRANSICAO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	T12E	1	31	
TRANSICAO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	T12E	1		
TRANSICAO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	T13E	1	20	
TRANSICAO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	T13E	1	19	
TRANSICAO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	T13E	1		
TRANSICAO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	T15E	1	15	
TRANSICAO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	T15E	1	15	
TRANSICAO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	T15E	1		
TRANSICAO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	T16E	1	17	
TRANSICAO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	T16E	1	18	
TRANSICAO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	T16E	1		
TRANSICAO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	T18E	1	18	
TRANSICAO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	T18E	1	17	
TRANSICAO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	T18E	1		
SECO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	S1E	1	32	
SECO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	S1E	1	35	
SECO	1	1	1	ENDOSFERA	A1T1P1	S1E	1		
SECO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	S3E	1	35	
SECO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	S3E	1	33	
SECO	1	1	3	ENDOSFERA	A1T1P3	S3E	1		
SECO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	S4E	1	31	
SECO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	S4E	1	32	
SECO	1	3	1	ENDOSFERA	A1T3P1	S4E	1		
SECO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	S6E	1	30	

SECO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	S6E	1	28
SECO	1	3	3	ENDOSFERA	A1T3P3	S6E	1	
SECO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	S7E	1	29
SECO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	S7E	1	29
SECO	2	1	1	ENDOSFERA	A2T1P1	S7E	1	
SECO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	S9E	1	35
SECO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	S9E	1	35
SECO	2	1	3	ENDOSFERA	A2T1P3	S9E	1	
SECO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	S10E	1	37
SECO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	S10E	1	38
SECO	2	3	1	ENDOSFERA	A2T3P1	S10E	1	
SECO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	S12E	1	40
SECO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	S12E	1	36
SECO	2	3	3	ENDOSFERA	A2T3P3	S12E	1	
SECO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	S13E	1	35
SECO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	S13E	1	32
SECO	3	1	1	ENDOSFERA	A3T1P1	S13E	1	
SECO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	S15E	1	12
SECO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	S15E	1	25
SECO	3	1	3	ENDOSFERA	A3T1P3	S15E	1	
SECO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	S16E	1	33
SECO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	S16E	1	33
SECO	3	3	1	ENDOSFERA	A3T3P1	S16E	1	
SECO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	S18E	1	25
SECO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	S18E	1	29
SECO	3	3	3	ENDOSFERA	A3T3P3	S18E	1	
CHUVOSO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	C1R	1	25
CHUVOSO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	C1R	1	25

CHUVOSO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	C1R	1	
CHUVOSO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	C3R	1	25
CHUVOSO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	C3R	1	25
CHUVOSO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	C3R	1	
CHUVOSO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	C4R	1	25
CHUVOSO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	C4R	1	25
CHUVOSO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	C4R	1	
CHUVOSO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	C6R	1	25
CHUVOSO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	C6R	1	26
CHUVOSO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	C6R	1	
CHUVOSO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	C7R	1	20
CHUVOSO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	C7R	1	20
CHUVOSO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	C7R	1	
CHUVOSO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	C9R	1	16
CHUVOSO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	C9R	1	15
CHUVOSO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	C9R	1	
CHUVOSO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	C10R	1	16
CHUVOSO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	C10R	1	17
CHUVOSO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	C10R	1	
CHUVOSO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	C12R	1	15
CHUVOSO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	C12R	1	18
CHUVOSO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	C12R	1	
CHUVOSO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	C13R	1	4
CHUVOSO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	C13R	1	4
CHUVOSO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	C13R	1	
CHUVOSO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	C15R	1	1
CHUVOSO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	C15R	1	5
CHUVOSO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	C15R	1	

CHUVOSO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	C16R	1	4
CHUVOSO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	C16R	1	3
CHUVOSO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	C16R	1	
CHUVOSO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	C18R	1	5
CHUVOSO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	C18R	1	4
CHUVOSO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	C18R	1	
TRANSICAO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	T1R	1	29
TRANSICAO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	T1R	1	30
TRANSICAO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	T1R	1	
TRANSICAO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	T3R	1	30
TRANSICAO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	T3R	1	30
TRANSICAO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	T3R	1	
TRANSICAO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	T4R	1	30
TRANSICAO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	T4R	1	31
TRANSICAO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	T4R	1	
TRANSICAO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	T6R	1	30
TRANSICAO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	T6R	1	30
TRANSICAO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	T6R	1	
TRANSICAO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	T7R	1	30
TRANSICAO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	T7R	1	29
TRANSICAO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	T7R	1	
TRANSICAO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	T9R	1	30
TRANSICAO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	T9R	1	29
TRANSICAO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	T9R	1	
TRANSICAO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	T10R	1	28
TRANSICAO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	T10R	1	30
TRANSICAO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	T10R	1	
TRANSICAO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	T12R	1	31

TRANSICAO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	T12R	1	31	
TRANSICAO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	T12R	1		
TRANSICAO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	T13R	1	20	
TRANSICAO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	T13R	1	19	
TRANSICAO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	T13R	1		
TRANSICAO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	T15R	1	15	
TRANSICAO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	T15R	1	15	
TRANSICAO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	T15R	1		
TRANSICAO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	T16R	1	17	
TRANSICAO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	T16R	1	18	
TRANSICAO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	T16R	1		
TRANSICAO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	T18R	1	18	
TRANSICAO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	T18R	1	17	
TRANSICAO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	T18R	1		
SECO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	S1R	1	32	
SECO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	S1R	1	35	
SECO	1	1	1	RIZOSFERA	A1T1P1	S1R	1		
SECO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	S3R	1	35	
SECO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	S3R	1	33	
SECO	1	1	3	RIZOSFERA	A1T1P3	S3R	1		
SECO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	S4R	1	31	
SECO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	S4R	1	32	
SECO	1	3	1	RIZOSFERA	A1T3P1	S4R	1		
SECO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	S6R	1	30	
SECO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	S6R	1	28	
SECO	1	3	3	RIZOSFERA	A1T3P3	S6R	1		
SECO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	S7R	1	29	
SECO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	S7R	1	29	

SECO	2	1	1	RIZOSFERA	A2T1P1	S7R	1	
SECO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	S9R	1	35
SECO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	S9R	1	35
SECO	2	1	3	RIZOSFERA	A2T1P3	S9R	1	
SECO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	S10R	1	37
SECO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	S10R	1	38
SECO	2	3	1	RIZOSFERA	A2T3P1	S10R	1	
SECO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	S12R	1	40
SECO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	S12R	1	36
SECO	2	3	3	RIZOSFERA	A2T3P3	S12R	1	
SECO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	S13R	1	35
SECO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	S13R	1	32
SECO	3	1	1	RIZOSFERA	A3T1P1	S13R	1	
SECO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	S15R	1	12
SECO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	S15R	1	25
SECO	3	1	3	RIZOSFERA	A3T1P3	S15R	1	
SECO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	S16R	1	33
SECO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	S16R	1	33
SECO	3	3	1	RIZOSFERA	A3T3P1	S16R	1	
SECO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	S18R	1	25
SECO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	S18R	1	29
SECO	3	3	3	RIZOSFERA	A3T3P3	S18R	1	

Apêndice B: Dados brutos (temperatura, areia, silte-argila, matéria orgânica, umidade, fósforo, ferro 1, ferro 2, DOP e quantificação de DNA)

TEMPERATURA	AREIA (%)	SILTE-ARGILA (%)	MATÉRIA ORGÂNICA (g/KG) MEDIA	UMIDADE (Kg Kg-1)	FÓSFORO (mg P kg-1 solo)	FERRO 1 (REATIVO)	FERRO 2 (PIRITA)	DOP (%)	QUANTIFICAÇÃO (ng/ul)
NAO	58,79	39,98	80,292	51,892	7722,28	98,73	94,87	49,004	18,8
NAO	93,44	6,525	41,118	35,189	4626,57	37,71	21,27	36,070	10,8
NAO	57,41	42,08	103,651	48,900	6917,03	88,13	108,34	55,143	16,9
NAO	79,36	20,24	59,179	38,171	4079,68	47,82	66,74	58,257	17,7
NAO	75,71	23,99	43,311	27,944	7375,22	55,06	21,06	27,662	15,8
NAO	78,44	21,43	49,175	33,733	4950,92	51,48	12,05	18,963	13
NAO	78	21,83	51,797	33,599	5599,52	44,96	4,58	9,250	14,5
NAO	78,330	20,520	49,171	33,333	4782,69	51,23	11,86	18,797	16,8
NAO	36,07	58,05	180,731	60,417	8009,55	119,67	210,22	63,725	23,6
NAO	88,97	10,86	26,547	21,946	6605,36	50,09	58,60	53,918	11,3
NAO	37,44	58,27	126,74	54,365	10590,39	153,25	229,26	59,936	38,1
NAO	87,21	11,99	25,845	22,189	5268,83	32,74	24,85	43,151	17,1
27,3	62,62	36,91	87,271	40,900	6790,1	50,51	72,04	58,787	12,2
25,9	67,81	31,66	92,167	75,372	3049,13	74,88	57,56	43,460	28,4
26,6	67,370	32,160	75,333	32,473	8275,05	62,11	88,05	58,638	22,8
26,2	52,76	40,69	167,91	68,500	6341,24	87,03	128,58	59,634	34,4
29	78,58	21,29	35,193	29,950	7570,39	28,73	17,42	37,745	21,2
28,9	68,9	31,03	91,333	34,490	4194,78	63,74	5,60	8,071	28,8
24,8	76,15	23,51	44,484	27,552	5379,1	35,10	11,35	24,439	17,9

29,9	77,75	21,96	39,818	24,254	8901,13	39,96	10,98	21,559	23,8
25,5	17,04	80,89	177,958	54,138	10687,91	124,42	154,57	55,403	17,8
28,2	84,45	13,13	28,588	23,600	5582,06	27,66	31,74	53,432	13
28,3	40,560	59,220	147,400	50,496	9862,94	164,54	186,28	53,099	20,1
28,1	85,74	13,82	41,835	26,820	5161,99	24,42	55,25	69,347	17,4
27,6	54,25	45,31	111,79	49,156	6617,4	84,61	159,53	65,344	28,16
30,6	79,49	20,33	59,061	27,435	3225,05	37,34	51,76	58,091	32,94
30,9	78,9	21,01	65,158	46,607	3125,88	27,92	71,01	71,778	29,94
26,8	81,11	18,59	59,917	47,552	3889,57	47,60	158,88	76,948	26,66
27	90,48	9,005	37,855	33,664	3781,01	39,00	19,01	32,773	7,8
27,4	91,44	7,506	61,053	44,655	2947,13	25,65	6,82	21,006	18,8
26,5	87,25	10,51	81,052	25,300	6473,55	37,71	1,97	4,975	11,8
27,8	91,72	7,838	28,491	29,435	4195,82	22,93	2,33	9,218	11,3
25,4	31,8	64,78	164,113	56,244	5059,25	122,34	161,49	56,898	11,2
25,7	83,06	15,14	37,279	21,479	2484,03	45,13	15,93	26,090	7,1
27,1	55,18	43,67	102,263	59,204	6462,67	136,40	184,01	57,431	17,6
26,5	92,16	6,282	16,608	28,628	2348,91	23,70	51,16	68,345	4,1
NAO	58,79	39,98	80,292	51,892	7722,28	98,73	94,87	49,004	15,5
NAO	93,44	6,525	41,118	35,189	4626,57	37,71	21,27	36,070	8,64
NAO	57,41	42,08	103,651	48,900	6917,03	88,13	108,34	55,143	4,31
NAO	79,36	20,24	59,179	38,171	4079,68	47,82	66,74	58,257	8,67
NAO	75,71	23,99	43,311	27,944	7375,22	55,06	21,06	27,662	3,6
NAO	78,44	21,43	49,175	33,733	4950,92	51,48	12,05	18,963	2,73

NAO	78	21,83	51,797	33,599	5599,52	44,96	4,58	9,250	30,76
NAO	78,330	20,520	49,171	33,333	4782,69	51,23	11,86	18,797	4,32
NAO	36,07	58,05	180,731	60,417	8009,55	119,67	210,22	63,725	17,67
NAO	88,97	10,86	26,547	21,946	6605,36	50,09	58,60	53,918	8,09
NAO	37,44	58,27	126,74	54,365	10590,39	153,25	229,26	59,936	27,09
NAO	87,21	11,99	25,845	22,189	5268,83	32,74	24,85	43,151	10,56
27,3	62,62	36,91	87,271	40,900	6790,1	50,51	72,04	58,787	10,39
25,9	67,81	31,66	92,167	75,372	3049,13	74,88	57,56	43,460	48,55
26,6	67,370	32,160	75,333	32,473	8275,05	62,11	88,05	58,638	45,72
26,2	52,76	40,69	167,91	68,500	6341,24	87,03	128,58	59,634	63
29	78,58	21,29	35,193	29,950	7570,39	28,73	17,42	37,745	3,52
28,9	68,9	31,03	91,333	34,490	4194,78	63,74	5,60	8,071	16,6
24,8	76,15	23,51	44,484	27,552	5379,1	35,10	11,35	24,439	43,6
29,9	77,75	21,96	39,818	24,254	8901,13	39,96	10,98	21,559	9,5
25,5	17,04	80,89	177,958	54,138	10687,91	124,42	154,57	55,403	24,3
28,2	84,45	13,13	28,588	23,600	5582,06	27,66	31,74	53,432	12,9
28,3	40,560	59,220	147,400	50,496	9862,94	164,54	186,28	53,099	37,96
28,1	85,74	13,82	41,835	26,820	5161,99	24,42	55,25	69,347	14,59
27,6	54,25	45,31	111,79	49,156	6617,4	84,61	159,53	65,344	11,3
30,6	79,49	20,33	59,061	27,435	3225,05	37,34	51,76	58,091	70,33
30,9	78,9	21,01	65,158	46,607	3125,88	27,92	71,01	71,778	6,31
26,8	81,11	18,59	59,917	47,552	3889,57	47,60	158,88	76,948	13,91
27	90,48	9,005	37,855	33,664	3781,01	39,00	19,01	32,773	12,26

27,4	91,44	7,506	61,053	44,655	2947,13	25,65	6,82	21,006	5,8
26,5	87,25	10,51	81,052	25,300	6473,55	37,71	1,97	4,975	14,89
27,8	91,72	7,838	28,491	29,435	4195,82	22,93	2,33	9,218	16,73
25,4	31,8	64,78	164,113	56,244	5059,25	122,34	161,49	56,898	19,7
25,7	83,06	15,14	37,279	21,479	2484,03	45,13	15,93	26,090	51,82
27,1	55,18	43,67	102,263	59,204	6462,67	136,40	184,01	57,431	24,26
26,5	92,16	6,282	16,608	28,628	2348,91	23,70	51,16	68,345	14,55
NAO	58,79	39,98	80,292	51,892	7722,28	98,73	94,87	49,004	37,5
NAO	93,44	6,525	41,118	35,189	4626,57	37,71	21,27	36,070	15,1
NAO	57,41	42,08	103,651	48,900	6917,03	88,13	108,34	55,143	75,5
NAO	79,36	20,24	59,179	38,171	4079,68	47,82	66,74	58,257	59,7
NAO	75,71	23,99	43,311	27,944	7375,22	55,06	21,06	27,662	19,4
NAO	78,44	21,43	49,175	33,733	4950,92	51,48	12,05	18,963	NAO
NAO	78	21,83	51,797	33,599	5599,52	44,96	4,58	9,250	66,7
NAO	78,330	20,520	49,171	33,333	4782,69	51,23	11,86	18,797	58,9
NAO	36,07	58,05	180,731	60,417	8009,55	119,67	210,22	63,725	43,6
NAO	88,97	10,86	26,547	21,946	6605,36	50,09	58,60	53,918	29,3
NAO	37,44	58,27	126,74	54,365	10590,39	153,25	229,26	59,936	58,7
NAO	87,21	11,99	25,845	22,189	5268,83	32,74	24,85	43,151	42
27,3	62,62	36,91	87,271	40,900	6790,1	50,51	72,04	58,787	8,1
25,9	67,81	31,66	92,167	75,372	3049,13	74,88	57,56	43,460	16,5
26,6	67,370	32,160	75,333	32,473	8275,05	62,11	88,05	58,638	34,1
26,2	52,76	40,69	167,91	68,500	6341,24	87,03	128,58	59,634	30,7

29	78,58	21,29	35,193	29,950	7570,39	28,73	17,42	37,745	67,6
28,9	68,9	31,03	91,333	34,490	4194,78	63,74	5,60	8,071	55,5
24,8	76,15	23,51	44,484	27,552	5379,1	35,10	11,35	24,439	117,5
29,9	77,75	21,96	39,818	24,254	8901,13	39,96	10,98	21,559	146,5
25,5	17,04	80,89	177,958	54,138	10687,91	124,42	154,57	55,403	124,3
28,2	84,45	13,13	28,588	23,600	5582,06	27,66	31,74	53,432	40,7
28,3	40,560	59,220	147,400	50,496	9862,94	164,54	186,28	53,099	83,2
28,1	85,74	13,82	41,835	26,820	5161,99	24,42	55,25	69,347	37,9
27,6	54,25	45,31	111,79	49,156	6617,4	84,61	159,53	65,344	24,8
30,6	79,49	20,33	59,061	27,435	3225,05	37,34	51,76	58,091	47,1
30,9	78,9	21,01	65,158	46,607	3125,88	27,92	71,01	71,778	35,8
26,8	81,11	18,59	59,917	47,552	3889,57	47,60	158,88	76,948	15,8
27	90,48	9,005	37,855	33,664	3781,01	39,00	19,01	32,773	27,3
27,4	91,44	7,506	61,053	44,655	2947,13	25,65	6,82	21,006	47,9
26,5	87,25	10,51	81,052	25,300	6473,55	37,71	1,97	4,975	81,4
27,8	91,72	7,838	28,491	29,435	4195,82	22,93	2,33	9,218	14,1
25,4	31,8	64,78	164,113	56,244	5059,25	122,34	161,49	56,898	38,7
25,7	83,06	15,14	37,279	21,479	2484,03	45,13	15,93	26,090	15
27,1	55,18	43,67	102,263	59,204	6462,67	136,40	184,01	57,431	46,6
26,5	92,16	6,282	16,608	28,628	2348,91	23,70	51,16	68,345	51,6

APÊNDICE C: Teste de normalidade de Shapiro-Wilk

Variáveis	W	p-valor
Salinidade	0,907	6,47E-05
pH	0,92	2,20E-04
Temperatura	0,954	5,99E-02
Areia	0,882	9,53E-08
Silte-Argila	0,892	2,65E-07
Matéria Orgânica	0,883	1,07E-07
Umidade	0,919	6,80E-06
Fósforo	0,958	1,89E-03
Fe 1	0,84	1,96E-09
Fe 3	0,857	8,62E-09
DOP	0,919	6,45E-06

Fonte: elaborado pela autora (2024).

APÊNDICE D: Tabela com valores das médias de salinidade, pH, temperatura (°C), areia (%), silte-argila (%), matéria orgânica (mo) (g/Kg), umidade (%), fósforo (mg P kg⁻¹ solo), ferro 1, ferro 3 e DOP (%) da Área 1 – Cofeco

AMOSTRAS (ID)	Salinidade	pH	Temperatura	Areia	Silte-Argila	MO	Umidade	Fósforo	Fe 1	Fe 3	DOP
A1T1P1 (C1S)	25 ijk*	7,385 ef*	-	58,79 A*	39,98 j*	80,29 ghi**	51,892 h**	7722,28 g**	98,73 g**	94,87 k**	49,004 t**
A1T1P3 (C3S)	25 ijk*	7,51 cde*	-	93,44 a**	6,525 I**	41,11 op**	35,189 q*	4626,57 y**	37,71 y**	21,27 w**	36,07 x**
A1T3P1 (C4S)	25 ijk*	7,725 abc**	-	57,41 B*	42,08 h*	103,65 cdef**	48,9 k**	6917,03 j**	88,13 h**	108,34 j**	55,143 p*
A1T3P3 (C6S)	25,5 hij*	7,44 de*	-	79,36 n**	20,24 x**	59,17 kl**	38,171 p*	4079,68 B**	47,82 s**	66,74 o**	58,257 k*
A1T1P1 (T1S)	29,5 ef*	7,755 ab*	27,3 l**	62,62 z**	36,91 k**	87,27 fgh*	40,9 o**	6790,1 k*	50,51 q**	72,04 m**	58,787 i*
A1T1P3 (T3S)	30 def*	7,585 bcd**	25,9 t*	67,81 x*	31,66 m*	92,16 efg*	75,372 a*	3049,13 G**	74,88 k**	57,56 q**	43,46 u**
A1T3P1 (T4S)	30,5 de*	7,955 a*	26,6 p*	67,37 y*	32,16 l*	75,33 hij**	32,473 w**	8275,05 e**	62,11 m**	88,05 l**	58,638 j*
A1T3P3 (T6S)	30 def*	7,725 ab*	26,2 s*	52,76 E**	40,69 i**	167,91 ab**	68,5 b*	6341,24 p*	87,03 i**	128,58 i**	59,634 h*
A1T1P1 (S1S)	33,5 abc*	7,46 de*	27,6 j**	54,25 D**	45,31 f**	111,79 cde**	49,156 j*	6617,4 l**	84,61 j**	159,53 f*	65,344 e**
A1T1P3 (S3S)	34 abc*	6,92 ij**	30,6 b*	79,49 m*	20,33 w*	59,06 kl*	27,435 C**	3225,05 E*	37,34 A**	51,76 s**	58,091 l**
A1T3P1 (S4S)	31,5 bcd*	6,92 ij**	30,9 a*	78,9 o*	21,01 u*	65,15 ijk*	46,607 m*	3125,88 F*	27,92 E**	71,01 n**	71,778 b*
A1T3P3 (S6S)	29,0 fg**	7,46 de*	26,8 o**	81,11 l*	18,59 y*	59,91 kl*	47,552 l*	3889,57 C*	47,6 t**	158,88 g*	76,948 a*

Fonte: elaborado pela autora (2024).

APÊNDICE E: Tabela com valores das médias de salinidade, pH, temperatura (°C), areia (%), silte-argila (%), matéria orgânica (mo) (g/Kg), umidade (%), fósforo (mg P kg⁻¹ solo), ferro 1, ferro 3 e DOP (%) da Área 2 – CEAC

AMOSTRAS (ID)	Salinidade	pH	Temperatura	Areia	Silte-Argila	MO	Umidade	Fósforo	Fe 1	Fe 3	DOP
A2T1P1 (C7S)	20 jkl**	7,675 abc**	-	75,71 v**	23,99 o*	43,31 no*	27,944 A**	7375,22 i**	55,06 n**	21,06 x**	27,662 z**
A2T1P3 (C9S)	15,5 mn*	7,185 fg**	-	78,44 q*	21,43 s*	49,17 mn*	33,733 s*	4950,92 w*	51,48 o*	12,05 B*	18,963 E*
A2T3P1 (C10S)	16,5 lm*	6,755 klmn*	-	78 s*	21,83 r*	51,79 lm*	33,599 u*	5599,52 q**	44,96 v**	4,58 H**	9,25 G**
A2T3P3 (C12S)	16,5 lm*	6,77 klm*	-	78,33 r*	20,52 v*	49,17 mn*	33,333 v*	4782,69 x*	51,23 p*	11,86 C*	18,797 F*
A2T1P1 (T7S)	29,5 ef*	7,22 fg**	29 d*	78,58 p*	21,29 t*	35,19 pq*	29,95 x*	7570,39 h**	28,73 D**	17,42 z**	37,745 w**
A2T1P3 (T9S)	29,5 ef*	5,85 opqr*	28,9 e*	68,9 w**	31,03 n**	91,33 fg**	34,49 r**	4194,78 A**	63,74 l**	5,6 G**	8,071 I**
A2T3P1 (T10S)	29 fgh*	5,49 qr*	24,8 x**	76,15 u*	23,51 p*	44,48 no*	27,552 B*	5379,1 s**	35,1 B*	11,35 D*	24,439 B*
A2T3P3 (T12S)	31 cd**	5,78 pqr*	29,9 c*	77,75 t*	21,96 q*	39,81 op*	24,254 F*	8901,13 d**	39,96 w*	10,98 E*	21,559 C*
A2T1P1 (S7S)	29,0 fg**	6,67 lmno*	27 n*	90,48 e*	9,00 F**	37,85 op**	33,664 t**	3781,01 D**	39 x**	19,01 y**	32,773 y**
A2T1P3 (S9S)	35,0 ab*	6,62 mnop*	27,4 k*	91,44 d*	7,50 H*	61,05 jk**	44,655 n**	2947,13 H**	25,65 G*	6,82 F**	21,006 D**

A2T3P1 (S10S)	37,5 a*	6,27 opqr*	26,5 r*	87,25 g**	10,51 E**	81,05 gh**	25,3 E*	6473,55 n**	37,71 z**	1,97 J*	4,975 J**
A2T3P3 (S12S)	38,0 a*	6,52 nopq*	27,8 i*	91,72 c*	7,83 G*	28,49 qrs**	29,435 y*	4195,82 z**	22,93 J*	2,33 I*	9,218 H**

Fonte: elaborado pela autora (2024).

APÊNDICE F: Tabela com valores das médias de salinidade, pH, temperatura (°C), areia (%), silte-argila (%), matéria orgânica (mo) (g/Kg), umidade (%), fósforo (mg P kg⁻¹ solo), ferro 1, ferro 3 e DOP (%) da Área 3 – River Park

A3T1P1 (C13S)	4,0 no*	7,225 fg*	-	36,07 H**	58,05 e*	180,73 a**	60,417 c**	8009,55 f**	119,67 f**	210,22 b*	63,725 f**
A3T1P3 (C15S)	3,0 o*	6,82 jkl**	-	88,97 f*	10,86 D**	26,54 rs*	21,946 I*	6605,36 m**	50,09 r**	58,6 p**	53,918 q*
A3T3P1 (C16S)	3,5 no*	7,03 ghi*	-	37,44 G**	58,27 d*	126,74 bcd**	54,365 f**	10590,39 b**	153,25 b**	229,26 a*	59,936 g*
A3T3P3 (C18S)	4,5 no*	7,205 fg*	-	87,21 h*	11,99 C**	25,84 rs*	22,189 H*	5268,83 t**	32,74 C**	24,85 v**	43,151 v**
A3T1P1 (T13S)	19,5 kl**	6,895 jk*	25,5 v**	17,04 J**	80,89 a**	177,95 a*	54,138 g**	10687,91 a**	124,42 d**	154,57 h**	55,403 o*
A3T1P3 (T15S)	15 mno*	6,88 jk*	28,2 g*	84,45 j*	13,13 B*	28,58 qr**	23,6 G**	5582,06 r**	27,66 F**	31,74 u**	53,432 r*
A3T3P1 (T16S)	17,5 lm*	6,76 klmn*	28,3 f*	40,56 F**	59,22 c**	147,39 abc*	50,496 i**	9862,94 c**	164,54 a**	186,28 c**	53,099 s*
A3T3P3 (T18S)	17,5 lm*	7,22 fg**	28,1 h**	85,74 i*	13,82 A*	41,83 op**	26,82 D**	5161,99 u**	24,42 H**	55,25 r**	69,347 c**
A3T1P1 (S13S)	33,5 abc*	7,18 gh*	25,4 w*	31,8 I**	64,78 b**	164,11 ab**	56,244 e**	5059,25 v**	122,34 e**	161,49 e**	56,898 n*
A3T1P3 (S15S)	18,5 lm**	5,155 r**	25,7 u*	83,06 k**	15,14 z**	37,27 op**	21,479 J**	2484,03 I**	45,13 u**	15,93 A**	26,09 A**
A3T3P1 (S16S)	33,0 abc*	7,46 de**	27,1 m**	55,18 C**	43,67 g**	102,26 def**	59,204 d**	6462,67 o**	136,4 c**	184,01 d**	57,431 m*

A3T3P3 (S18S)	27,0 ghi**	6,985 hij*	26,5 q*	92,16 b**	6,28 J**	16,60 s**	28,628 z**	2348,91 J**	23,7 I**	51,16 t**	68,345 d**
------------------	------------	------------	---------	-----------	----------	-----------	---------------	----------------	----------	-----------	---------------

Fonte: elaborado pela autora (2024).