



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS**  
**DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E RECURSOS NATURAIS**

**LEONARDO LIMA BANDEIRA**

**DIVERSIDADE FUNCIONAL DE GRUPOS BACTERIANOS SOB DIFERENTES**  
**USOS DO SOLO**

**FORTALEZA**

**2020**

LEONARDO LIMA BANDEIRA

DIVERSIDADE FUNCIONAL DE GRUPOS BACTERIANOS SOB DIFERENTES USOS  
DO SOLO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Ecologia e Recursos Naturais. Área de concentração: Ecologia e Recursos Naturais. Linha de pesquisa: Ecologia e Recursos Naturais.

Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dra. Suzana Cláudia Silveira Martins.

Co-orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dra. Claudia Miranda Martins.

FORTALEZA

2020

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)

---

B166d    Bandeira, Leonardo Lima.

Diversidade funcional de grupos bacterianos sob diferentes usos do solo / Leonardo Lima Bandeira. – 2020.

62 f. : il. color.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências, Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais, Fortaleza, 2020.

Orientação: Profa. Dra. Suzana Cláudia Silveira Martins.

Coorientação: Profa. Dra. Claudia Miranda Martins.

1. Serviços ecossistêmicos. 2. Comunidades. 3. Diversidade Funcional. I. Título.

CDD 577

---

LEONARDO LIMA BANDEIRA

DIVERSIDADE FUNCIONAL DE GRUPOS BACTERIANOS SOB DIFERENTES USOS  
DO SOLO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Recursos Naturais da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Ecologia e Recursos Naturais. Área de concentração: Ecologia e Recursos Naturais. Linha de pesquisa: Ecologia e Recursos Naturais.

Aprovado em: 28/02/2020.

BANCA EXAMINADORA

---

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Suzana Cláudia Silveira Martins (Orientadora)  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

---

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Francisca Gleire Rodrigues de Menezes  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

---

Prof. Dr. Arthur Prudêncio de Araujo Pereira  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Aos meus pais, Maria Pereira Lima e Leopoldo Lourenço Bandeira, que tanto apoiaram e incentivaram meu crescimento profissional.

## AGRADECIMENTOS

À Deus, pois sem ele eu nada seria. À minha orientadora, Prof. Dra. Suzana Cláudia Silveira Martins, por me mostrar como a microbiologia pode ser uma ciência fascinante e que, mesmo com todos os desafios, a sala de aula é um ambiente que promove experiências únicas. À minha coorientadora, Prof. Dra. Claudia Miranda Martins, por me mostrar que devemos ser pacientes, mas também lutar por nossos objetivos. À coordenadora do Programa de Pós Graduação em Ecologia e Recursos Naturais (PPGERN), Francisca Soares de Araújo que, apesar de tantas ocupações, auxiliou no desenvolvimento da pesquisa. Ao Prof. Fernando Felipe Ferreyra Hernandez e os técnicos do Laboratório de Química do Solo e Física do Solo da UFC pela disponibilidade e atenção com a análise das amostras de solo. À Prof. Dra. Oscarina Viana de Sousa, Prof. Dra. Susana Churka Blum e Prof. Dr. Valdir Mantovani pelas contribuições e participação na banca de qualificação da dissertação.

Aos meus colegas de turma, como Bianca de Araújo Primo, que me proporcionou uma visão mais profunda sobre o papel da biologia na sociedade, me deu auxílio nas análises de solo e sempre foi um ombro amigo nos momentos de desespero; Alana Mayara Ximenes de Souza pelos conselhos, broncas e compartilhamento de experiências; e aos demais colegas pelas sugestões, críticas e reflexões.

Aos membros do Laboratório de Microbiologia Ambiental (LAMAB), Juliani Barbosa de Sousa pelo apoio, cafés e valiosos conselhos; Franciandro Dantas dos Santos pela atenção e paciência; Karol, Mayara e Valéria pelo apoio diário; aos bolsistas, em especial João e Daniel pelas inúmeras horas dedicadas a esta pesquisa. Agradeço especialmente a Fernando Gouveia Cavalcante, pois sem o qual este trabalho não poderia ter sido desenvolvido. Sua atenção, paciência e dedicação foram cruciais nessa jornada do mestrado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo financiamento do projeto em parceria com o Instituto Chico Mendes (ICMBio) que viabilizou as coletas de solo dessa pesquisa, sob chamada CNPq/ICMBio/FAPs nº18/2017, processo: 421350/2017-2. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

## RESUMO

As interações complexas entre bactérias e solo afetam a biodiversidade terrestre, as funções e os serviços ecossistêmicos. Compreender a dinâmica de grupos funcionais bacterianos no solo configura-se uma estratégia para inferir o estado da biodiversidade nos ecossistemas. Assim, o objetivo desta pesquisa foi de avaliar como o uso da terra afeta a diversidade funcional bacteriana. O estudo foi desenvolvido no Parque Nacional de Sete Cidades. Para a coleta das amostras foram sorteados aleatoriamente transectos na Unidade de Conservação, partindo do centro de cada unidade em direção a área externa e distância mínima entre os transectos de 3 km. Os diferentes tipos de cobertura vegetal foram selecionados utilizando o método estatístico da estratificação aleatória. No total, 28 amostras de solo foram coletadas de 12 paisagens. Parâmetros químicos, como pH e condutividade, e físicos do solo, como teor de areia, foram analisados. As bactérias foram isoladas de cada amostra de solo por meio de diluição em série e pelo método *spread plate*. Cada grupo bacteriano foi inoculado em meio de cultura apropriado. Todos os resultados das contagens foram expressos como Unidades Formadoras de Colônias por grama de solo (UFC. g-1) e posteriormente convertidos para Log UFC. g-1. A abundância dos grupos e o índice de diversidade foram descritos a partir das contagens de colônias. A diversidade funcional de cada amostra de solo foi determinada a partir do índice de Shannon. A abundância dos cinco grupos funcionais avaliados foi maior no uso de solo agricultura, sendo que o grupo das solubilizadoras de fosfato apresentou a menor abundância geral dos grupos, enquanto as actinobactérias apresentaram a maior abundância. Os valores do índice de Shannon variaram de 1,44 a 1,47 sendo as áreas preservadas e conservadas as que obtiveram os maiores valores. Quanto as análises químicas e físicas de solo, o uso agricultura apresentou os maiores teores de micro e macro nutrientes e teores de argila no solo. Assim, conclui-se que a mudança no uso de solo afeta significativamente a abundância das comunidades bacterianas, principalmente no uso agricultura. Teores de K, Ca, Mg, P, N, Zn e Mn no solo são os nutrientes que tem correlação positiva e significativa com a abundância dos grupos funcionais bacterianos, enquanto o alumínio tem uma correlação negativa com a abundância desses grupos funcionais.

**Palavras-chave:** serviços ecossistêmicos; comunidades; diversidade funcional.

## ABSTRACT

Complex interactions between bacteria and soil affect terrestrial biodiversity, ecosystem functions and services. The change in land use also influences important ecosystem functions, including carbon stock, climate regulation, and water cycling, all of which are closely linked to bacterial activities. Understanding the dynamics of bacterial functional groups in the soil is a strategy to infer the state of biodiversity in ecosystems. Thus, the objective of this research was to evaluate how land use affects bacterial functional diversity. The study was carried out in the Sete Cidades National Park. For the collection of the samples, transects were randomly selected in the Conservation Unit, starting from the center of each unit towards the external area and minimum distance between the transects of 3 km. The different types of vegetation cover were selected using the statistical method of random stratification. In total, 28 soil samples were collected from 12 landscapes. The soil samples at each point were collected from rhizospheric soil at a depth of 0 - 20 cm and composed of five sub - samples. Chemical parameters, such as pH and conductivity, and physical parameters, such as sand content, were analyzed. The bacteria were isolated from each soil sample by means of serial dilution and by the spread plate method. Each bacterial group was inoculated in an appropriate culture medium. All counting results were expressed as Colony Forming Units per gram of soil (UFC. G-1) and later converted to Log UFC. g-1. The abundance of the groups and the diversity index were described from the colony counts. The functional diversity of each soil sample was determined using the Shannon index. The abundance of the five functional groups evaluated was higher in the use of agricultural soil, with the group of phosphate solubilizers having the lowest overall abundance of the groups, while the actinobacteria showed the highest abundance. The values of the Shannon index ranged from 1.44 to 1.47, with the preserved and conserved areas having the highest values. As for chemical and physical analysis of soil, agricultural use showed the highest levels of micro and macro nutrients and clay content in the soil. Thus, it is concluded that the change in land use significantly affects the abundance of bacterial communities, mainly in agricultural use. K, Ca, Mg, P, N, Zn and Mn contents in the soil are the nutrients that have a positive and significant correlation with the abundance of bacterial functional groups, while aluminum has a negative correlation with the abundance of these functional groups.

**Keywords:** ecosystem services; communities; functional diversity.



## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Mapa de localização do Parque Nacional de Sete Cidades (PI).....	24
Figura 2 - Desenho amostral do transecto constituído de uma área preservada homogênea controle (PHC), e duas áreas (AP1) e (AP2).....	26
Figura 3 - Área conservada (a) e área secundária (b).....	26
Figura 4 - Área de agricultura (c) e área preservada PCH).....	27
Figura 5 - Mapa amostral da pesquisa.....	28
Figura 6 - Diluição das amostras de solo.....	33
Figura 7 - Valores Médios das abundâncias de bactérias diazotróficas de vida livre em relação ao uso do solo.....	38
Figura 8 - Valores Médios das abundâncias das bactérias amilolíticas em relação ao uso do solo.....	39
Figura 9 - Valores médios das abundâncias de bactérias celulolíticas em relação ao uso do solo.....	40
Figura 10 - Valores médios das abundâncias de actinobactérias em relação ao uso do solo	41
Figura 11 - Valores médios das abundâncias de bactérias solubilizadoras de fosfato em relação ao uso do solo.....	42
Figura 12 - Valores do Índice de Shannon (H') por uso do solo.....	43

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Relação das amostras de solo coletadas.....	29
Tabela 2 - Composição do Meio ágar Pikovskaya.....	33
Tabela 3 - Composição do meio ágar-celulose modificado.....	34
Tabela 4 - Composição do meio Burk.....	34
Tabela 5 - Composição do meio mínimo de amido.....	35
Tabela 6 - Composição do meio CDA.....	36
Tabela 7 - Interpretação dos índices de correlação.....	37
Tabela 8 - Médias dos valores das abundâncias e equabilidade dos grupos funcionais em relação aos usos do solo.....	43
Tabela 9 - Médias dos parâmetros químicos e físicos do solo considerando os diferentes usos do solo.....	45
Tabela 10 - Coeficientes gerais de correlação de Pearson e <i>p value</i> estimados para os grupos funcionais bacterianos.....	48

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

pH	Potencial hidrogeniônico
UC	Unidade de Conservação
CE	Condutividade Elétrica
PNSC	Parque Nacional de Sete Cidades
PHC	Área Preservada Homogênea
TFSA	Terra fina seca ao ar
UFC	Unidade formadora de Colônias
PVK	Pikovskaya
CCRA	Vermelho do Congo
CDA	Caseína Dextrose Ágar
UI	Unidades Internacionais
H	Índice de Shannon
ANOVA	Análise de Variância
BSF	Bactéria solubilizadora de fosfato

## LISTA DE SÍMBOLOS

Ca	Cálcio
Mg	Magnésio
Na	Sódio
K	Potássio
Fe	Ferro
Cu	Cobre
Zn	Zinco
Mn	Manganês
Al	Alumínio
C	Carbono Orgânico
N	Nitrogênio
° C	Graus Celsius
mL	Militros
g	Gramas
mg	miligramas
dS.m <sup>-1</sup>	Decisiemens
cmolc	Centimoles

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	15
<b>2</b>	<b>OBJETIVOS</b> .....	17
<b>2.1</b>	<b>Objetivo Geral</b> .....	17
<b>2.2</b>	<b>Objetivos específicos</b> .....	17
<b>3</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	18
<b>3.1</b>	<b>O solo e as comunidades microbianas</b> .....	18
<b>3.2</b>	<b>Grupos funcionais microbianos e sua diversidade</b> .....	19
<b>3.2.1</b>	<i>Actinobactérias</i> .....	20
<b>3.2.2</b>	<i>Bactérias celulolíticas</i> .....	21
<b>3.2.3</b>	<i>Bactérias solubilizadoras de fosfato</i> .....	22
<b>3.2.4</b>	<i>Bactérias diazotróficas de vida livre</i> .....	22
<b>3.2.5</b>	<i>Bactérias amilolíticas</i> .....	23
<b>4</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	24
<b>4.1</b>	<b>Local de estudo</b> .....	24
<b>4.2</b>	<b>Delineamento amostral</b> .....	25
<b>4.3</b>	<b>Análises físicas e químicas do solo</b> .....	30
<b>4.4</b>	<b>Quantificação dos grupos funcionais microbianos</b> .....	32
<b>4.4.1</b>	<i>Diluição das amostras</i> .....	32
<b>4.4.2</b>	<i>Contagem dos microrganismos</i> .....	32
<b>4.4.2.1</b>	<i>Bactérias solubilizadoras de fosfato</i> .....	32
<b>4.4.2.2</b>	<i>Bactérias celulolíticas</i> .....	33
<b>4.4.2.3</b>	<i>Bactérias diazotróficas de vida livre</i> .....	34
<b>4.4.2.4</b>	<i>Bactérias amilolíticas</i> .....	35
<b>4.4.2.5</b>	<i>Actinobactérias</i> .....	35
<b>4.5</b>	<b>Análise de dados</b> .....	36
<b>5</b>	<b>RESULTADOS</b> .....	38
<b>5.1</b>	<b>Bactérias diazotróficas de vida livre</b> .....	38
<b>5.1.1</b>	<i>Bactérias amilolíticas</i> .....	39
<b>5.1.2</b>	<i>Bactérias celulolíticas</i> .....	39
<b>5.1.3</b>	<i>Actinobactérias</i> .....	40
<b>5.1.4</b>	<i>Bactérias solubilizadoras de fosfato</i> .....	41

5.2	<b>Equabilidade dos grupos funcionais.....</b>	42
5.3	<b>Análise estatística dos grupos funcionais em relação ao uso do solo.....</b>	43
5.4	<b>Resultado das análises químicas e físicas do solo .....</b>	44
5.5	<b>Correlação entre os grupos funcionais bacterianos e as características químicas e físicas do solo .....</b>	46
6	<b>DISCUSSÃO .....</b>	49
6.1	<b>Abundância dos grupos funcionais bacterianos no solo .....</b>	49
6.2	<b>Estrutura dos grupos funcionais bacterianos no solo .....</b>	51
6.3	<b>Equabilidade dos grupos funcionais bacterianos analisados .....</b>	52
6.4	<b>Análises físicas e químicas do solo e correlação dos grupos bacterianos.....</b>	52
7	<b>CONCLUSÃO .....</b>	55
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	56

## 1 INTRODUÇÃO

O solo é um ecossistema que depende dos processos bioquímicos realizados pelos microrganismos que o habitam (GRZĄDZIEL; GAŁĄZKA, 2018). A composição das comunidades destes microrganismos, incluindo as bactérias rizosféricas, sempre foi relacionada principalmente a sua interação com as plantas. Porém, alguns estudos mostram que as propriedades químicas e físicas do próprio solo, como: salinidade, pH, tipo e sua origem, têm maior influência no desenvolvimento de bactérias específicas (MA *et al.*, 2010). O pH baixo, por exemplo, pode aumentar a abundância de fungos em até cinco vezes e diminuir o número de bactérias no solo (ROUSK *et al.*, 2009).

As bactérias do solo desempenham papéis importantes nos ecossistemas terrestres através da regulação de uma série de processos essenciais de ciclagem de nutrientes (NACKE *et al.*, 2011; KORANDA *et al.*, 2013; MOOSHAMMER *et al.*, 2014). As interações complexas entre bactérias e solo afetam a biodiversidade terrestre, as funções e os serviços ecossistêmicos (VAN DAM ; HEIL, 2011; WAGG *et al.*, 2014). Esses microrganismos do solo são considerados os mais efetivos bioindicadores de distúrbios que afetam o funcionamento do ecossistema (KRAUSE *et al.*, 2014; CHÁVEZ, 2012; ZILLI *et al.*, 2003). Avaliar o papel da diversidade funcional microbiana na condução de processos especializados no solo, ou seja, processos conduzidos para um grupo altamente especializado de táxons é importante para a formulação de políticas de gestão e conservação sustentáveis aprimoradas (TRIVEDI *et al.*, 2019). Exemplos desses grupos são os microrganismos envolvidos no ciclo do nitrogênio (diazotróficos, desnitrificadores, amonificadores) e os que participam no ciclo do carbono, desde os degradadores de polímeros complexos, até arqueas, incluindo metanogênicas e metanotróficas (ZILLI *et al.*, 2003).

Além disso, as bactérias são consideradas componentes vitais do solo, em distribuição e abundância, contribuindo para a sustentabilidade do ecossistema devido a sua sobrevivência, ocupação cosmopolita, versatilidade metabólica e potência de tolerância ao estresse (SINGH, 2015; NAEEM; WRIGHT, 2003). Compreender a dinâmica de grupos funcionais bacterianos configura-se uma abordagem ideal para inferir o estado da biodiversidade nos ecossistemas.

A mudança no uso da terra também afeta funções importantes do ecossistema, incluindo o estoque de carbono (GUO; GIFFORD, 2002; SANDERMAN *et al.*, 2017), regulação climática (ROMEU-DALMAU *et al.*, 2018) e ciclagem da água (SFERA *et al.*, 2016), e todas elas estão intimamente ligadas a atividades microbianas. Os tipos de

microrganismos que contribuem para esses processos em diferentes usos do solo e sua tolerância ou vulnerabilidade a mudanças, no entanto, ainda precisam ser identificados e caracterizados (SZOBOSZLAY *et al.* 2017).

Mudança no uso da terra significa a instalação de uma nova vegetação e manejo do solo, que inclui a remoção frequente da biomassa vegetal, a adição de fertilizantes minerais e orgânicos e o uso de pesticidas. Essas áreas de cultivo são também um habitat dinâmico para os microrganismos, devido à destruição periódica dos micro-habitats pelas diversas práticas agrícolas (ZHANG *et al.*, 2016). Por outro lado, nas florestas, a estrutura do solo é tipicamente mais preservada e o aporte de carbono provém principalmente da camada de serapilheira na superfície do solo. Consequentemente, solos de terras agrícolas e florestas apresentam diferentes características na estrutura do solo, quantidade e qualidade de nutrientes e fontes de energia para microrganismos (LOPÈZ-MONDEJAR *et al.*, 2016). Todos esses fatores influenciam fortemente as condições de vida dos microrganismos e, portanto, pode-se prever que as áreas de cultivo e florestas abrigam comunidades microbianas estruturalmente e funcionalmente distintas (SZOBOSZLAY *et al.* 2017).

As áreas de proteção são ambientes importantes para manutenção da biodiversidade e diversos habitats, além de proteger áreas específicas ou degradadas. Estudos sobre a estrutura e propriedades da microbiota do solo dessas áreas fornecem informações úteis para a predição de padrões, modelagem e formulação de teorias ecológicas (WILSON, 1988; HUMMEL *et al.*, 2019).

Por esse motivo, e considerando a gama de uso da terra em zonas próximas a uma Unidade de Conservação (UC) na região do semiárido, foram selecionados transectos em uma UC para o desenvolvimento do presente estudo utilizando grupos microbianos funcionais. De maneira a responder a seguinte pergunta: qual impacto de diferentes formas de uso da terra na diversidade funcional microbiana do solo e quais são os grupos funcionais mais afetados? Dessa forma, a hipótese é a de que mudanças no uso do solo alteram a disponibilidade de recursos para comunidades microbianas e, assim, modificam a diversidade de grupos microbianos funcionais do solo.



## **2 OBJETIVOS**

### **2.1 Objetivo Geral**

Avaliar como o uso da terra afeta a diversidade funcional bacteriana.

### **2.2 Objetivos específicos**

- Determinar a abundância relativa de cinco grupos funcionais bacterianos em solo sob diferentes usos;
- Estimar a diversidade dos cinco grupos funcionais
- Determinar as características químicas do solo (Condutividade elétrica, pH, cálcio (Ca), magnésio (Mg), sódio (Na), potássio (K), fósforo disponível, ferro (Fe), cobre (Cu), zinco (Zn), manganês (Mn), alumínio (Al), carbono orgânico (C), matéria orgânica e nitrogênio (N));
- Determinar as características físicas do solo (granulometria e tipo de solo);
- Relacionar a diversidade funcional dos grupos bacterianos com as características químicas e físicas do solo.

### 3 REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1 O solo e as comunidades microbianas

O solo pode ser definido como um sistema dinâmico, complexo e vivo, composto por uma variedade de micro-habitats com distintos gradientes físicoquímicos e condições ambientais descontínuas (ZHANG; XU, 2008). A sua formação ocorre por um processo complexo de forças físicas, químicas e biológicas, através dos quais as partículas de rochas são quebradas e transformadas em argila, silte e outros minerais, compondo um habitat natural bastante diversificado, contendo comunidades biológicas de grande complexidade (SIQUEIRA *et al.*, 1994).

Os organismos devem se adaptar a uma série complexa de substratos, condições físicas e químicas e interações bióticas, nas quais podem afetar a composição das comunidades. Os microrganismos adaptam-se aos micro habitats do solo, interagindo entre si e com outras partes da biota e formam consórcios com limites mais ou menos acentuados (TORSVIK; ØVREÅS, 2002). Podemos dizer então, que o solo representa um ambiente altamente heterogêneo e complexo para a microbiota que nele habita, sendo a complexidade deste sistema definida pelas diversas e numerosas interações entre os componentes físicos, químicos e biológicos que são modulados pelas condições ambientais prevalentes (BUSCOT, 2005).

Os solos são ambientes dinâmicos e os microrganismos que vivem nesses habitats devem enfrentar e responder às mudanças nas condições do solo, mas a maioria dos estudos das comunidades bacterianas do solo se concentra na variação espacial da diversidade e composição das comunidades microbianas do solo (LAUBER *et al.*, 2013). A microbiota do solo é a principal responsável pela decomposição dos resíduos orgânicos, pela ciclagem de nutrientes e pelo fluxo de energia no solo, podendo ter influência tanto na transformação da matéria orgânica, quanto na estocagem do carbono e nutrientes minerais.

A diversidade microbiana nos ecossistemas do solo excede a dos organismos eucarióticos. Um grama de solo pode abrigar até 10 bilhões de microrganismos de milhares de espécies diferentes (ZHALNINA *et al.*, 2015). As amostras típicas do solo contêm milhares de táxons individuais de bactérias, arqueias e fungos (SCHIMEL; SCHAEFFER, 2012). Essa diversidade taxonômica é refletida pela diversidade de suas funções, abrangendo uma série

aparentemente ilimitada de fisiologias e estratégias. As mudanças nos tipos e quantidades de carbono orgânico adicionado ao solo, temperatura, umidade e disponibilidade de nutrientes podem ter influências consideráveis nas comunidades microbianas dependendo dos gradientes estudados ou dos tratamentos experimentais impostos. (FIERER *et al.*, 2012).

As mudanças do clima e do uso do solo pode causar alterações na biodiversidade com consequências significativas para as funções e serviços do ecossistema (BAUMANN *et al.*, 2013; LANGE *et al.* 2015). O tipo de solo também influencia a estrutura das comunidades microbianas, em função do tamanho de partículas, do pH, da capacidade de intercâmbio de íons e do conteúdo de matéria orgânica (FLERER; JACKSON, 2006). Estas propriedades podem afetar a estrutura da comunidade microbiana de forma direta, fornecendo um hábitat específico que seleciona microrganismos, ou indiretamente, influenciando o funcionamento e a exsudação da raiz das plantas presentes no lugar (NANNIPIERI *et al.*, 2003).

A textura do solo também pode afetar a microbiota, limitando a disponibilidade dos exsudados da raiz e moléculas de importância biológica, como proteínas e ácidos nucleicos, devido à capacidade da fase sólida de adsorvê-las. As superfícies dos componentes minerais do solo podem catalisar determinadas reações por si mesmas. Por exemplo, minerais da argila e óxidos de manganês (II e IV) e ferro (III) catalisam reações de transferência de elétrons assim como oxidação de fenóis e polifenóis (NANNIPIERI *et al.*, 2003). Estudos como de Schmalenberger *et al.* (2002) e Schonfeld *et al.*, (2002) indicaram que as práticas agrícolas, como a rotação de culturas, o uso de fertilizantes, a compostagem e a aplicação de pesticidas e herbicidas, também estão vinculadas com a estrutura da comunidade microbiana.

### **3.2 Grupos funcionais microbianos e sua diversidade**

Os grupos funcionais de microrganismos eram classificados quanto ao seu principal meio de obter carbono e energia, incluindo os fototróficos, quimiotróficos, autótrofos, heterótrofos ou litotróficos. O uso de tais categorias é limitado em informações, pois em muitas situações existe sobreposição de nichos (SMITH *et al.*, 2005). Atualmente, a utilização do termo grupo funcional está relacionada com o contexto dos ciclos biogeoquímicos. Torsvik e Ovreas (2002) classificam os grupos funcionais como guildas microbianas, já para autores como Zhang *et al.* (2012) e Marinari *et al.* (2013) os grupos funcionais classificam os grupos de microrganismos que estejam envolvidos na ciclagem de nutrientes e tem sido representado principalmente pela diversidade funcional.

Para Kandeler *et al.* (1996), a diversidade funcional está relacionada com a capacidade desses microrganismos em desempenhar funções relacionadas com a ciclagem de carbono, nitrogênio e fósforo. Para Marianari *et al.* (2013), a diversidade funcional microbiana é definida, operacionalmente, como os números, tipos, atividades e taxas nas quais um conjunto de substratos é utilizado pela comunidade bacteriana. Também pode ser descrito através da composição de comunidades microbianas necessárias para realizar e manter processos ecossistêmicos no solo, como decomposição e mineralização.

A soma dos processos ecológicos realizados pelos organismos de uma comunidade representa a diversidade funcional das comunidades microbianas do solo e resulta da diversidade dessa comunidade, dos efeitos ambientais na expressão gênica e interações ecológicas entre os táxons (CHODAK *et al.*, 2015).

Uma ampla faixa de fatores controla a diversidade das comunidades microbianas no solo. A disponibilidade de fontes de carbono principalmente, junto com fósforo e nitrogênio, é considerada limitante, o que gera competição entre as populações (BALSER *et al.* 2002). Os declínios na diversidade microbiana do solo não resultam consistentemente em reduções na diversidade funcional das comunidades microbianas (DEGENS, 1998).

Os índices de diversidade têm sido utilizados para descrever o estado das comunidades microbianas e sua resposta aos distúrbios naturais ou antropogênicos. Esses índices funcionam como bioindicadores da estabilidade de uma comunidade além de serem usados para descrever a dinâmica ecológica e o impacto do estresse nessa comunidade (KENNEDY; SMITH 1995).

Entender o papel funcional da diversidade microbiana é crucial para a avaliação da relevância das relações biodiversidade e funções do ecossistema além do impacto das mudanças globais nos ecossistemas terrestres. Assim, cinco grupos funcionais de microrganismos foram previamente selecionados para esta pesquisa, através de seus serviços ecossistêmicos prestados.

### **3.2.1 Actinobactérias**

Actinobactérias são bactérias Gram positivas, principalmente aeróbias e formadoras de esporos, com alto teor de guanina – citosina (G + C) em seu DNA. Elas compartilham algumas características morfológicas com fungos mostrando crescimento filamentosos, produzindo micélio aéreo ou de substrato (BARKA *et al.*,2016). Estudos

apontam que estes organismos são componentes importantes da população microbiana na maioria dos solos e, em alguns solos são mais numerosos do que outras bactérias (JAYASINGHE; PARKINSON, 2008).

O grupo representa, aproximadamente, 13% da comunidade bacteriana presente no solo e possui gêneros como *Corynebacterium*, *Mycobacterium*, *Actinomyces*, *Streptomyces* e *Rubrobacter*, entre outros (JANSSEN, 2006). A reprodução de actinobactérias ocorre por fragmentação de hifas ou por esporos, podendo penetrar no substrato ou constituir hifas aéreas, cujo diâmetro varia de 0,5 a 2µm (MOREIRA; SIQUEIRA, 2006).

Muitas espécies de Actinobacteria apresentam aplicação biotecnológica, como, por exemplo, na biorremediação de xenobióticos, na produção de vitaminas, na conversão e na produção de biocombustíveis (MIAO; DAVIES, 2010) e na produção de antibióticos, em especial pelas bactérias do gênero *Streptomyces*. Na natureza as actinobactérias desempenham papel na reciclagem de 18 biomateriais refratários através de processos de decomposição e formação de húmus, sendo também apontadas como indicadores da qualidade do solo (IRFAN *et al.*, 2012). Também desempenham papéis na ecologia do solo através da fixação de nitrogênio, solubilização de fósforo e mobilização de outros nutrientes.

### 3.2.2 Bactérias celulolíticas

A celulose é um dos compostos orgânicos mais importantes existentes na natureza, representando de 15 a 60% da matéria seca dos vegetais incorporados ao solo. Também representa aproximadamente 50% do peso seco de fontes secundárias, tais como resíduos agrícolas (PATAGUNDI *et al.*, 2014). Encontra-se em plantas, sementes, fungos, algas e cistos de protozoários. É localizada na parede celular, em forma de unidades microscópicas, com formato de bastão chamadas micelas (SIQUEIRA *et al.*, 1994).

Celulose e hemiceluloses representam os principais tipos de compostos de carbono complexos que entram no ambiente do solo e sua degradação representa um passo fundamental no ciclo do carbono terrestre (LÓPEZ *et al.*, 2016). Assim, os microrganismos, em particular as bactérias celulolíticas, que estão bem disseminadas nos solos, desempenham um papel fundamental na decomposição de resíduos vegetais no ecossistema do solo (YANG *et al.*, 2014).

No solo as taxas de decomposição da serapilheira podem depender das respostas dos microrganismos que degradam a celulose à disponibilidade de água e nutrientes sendo as taxas de decomposição e a biomassa bacteriana significativamente menores durante a estação seca (BERLEMONT *et al.*, 2014). As principais espécies de bactérias atualmente conhecidas

por degradar celulose e lignina estão dentro de das ordens Pseudomonadales e Actinomycetales e empregam lacases extracelulares e peroxidases (WOO *et al.*, 2014).

### **3.2.3 Bactérias solubilizadoras de fosfato**

O fósforo é, após o nitrogênio, o segundo macronutriente limitante para o crescimento e a produção de culturas agrícolas (VANCE, 2001). O fósforo desempenha um papel importante nos vegetais em muitas atividades fisiológicas, como a divisão celular, a fotossíntese, o desenvolvimento do sistema radicular e a utilização de carboidratos (SHARMA *et al.*, 2017). Embora alguns solos possam ter altos níveis de P total, eles ainda podem ser deficientes em P devido aos baixos níveis de fosfato solúvel disponíveis para as plantas (LIU *et al.*, 2015).

Bactérias solubilizadoras de fosfato podem solubilizar fósforo insolúvel pela produção de vários ácidos orgânicos de baixa massa molecular, podendo também atuar como agentes quelantes (LIN *et al.*, 2006). A atividade de solubilização do fósforo é determinada pela capacidade do microrganismo em liberar metabólitos tais como ácidos orgânicos, os quais através dos seus grupos hidroxil e carboxil quelam o cátion ligado ao fosfato, este sendo convertido em formas solúveis (KARPAGAM; NAGALAKSHMI, 2014).

Esses microrganismos são afetados por diversos fatores antropogênicos principalmente aqueles relacionados à atividade agrícola (AZZIZ *et al.*, 2012). Das e Debnath (2006) relatam que a aplicação de herbicidas aumentou a atividade dessas bactérias. Susilowati e Syekhfani (2014) afirmam que as bactérias solubilizadoras de fosfato são afetadas pela contaminação do solo por chumbo.

### **3.2.4 Bactérias diazotróficas de vida livre**

O nitrogênio (N) é um dos poucos nutrientes nos ecossistemas terrestres que podem limitar o crescimento de plantas e das comunidades microbianas em ecossistemas com alta disponibilidade de carbono. Por isso, as plantas e os microrganismos de vida livre frequentemente competem pelo N disponível (VERESOGLOU *et al.*, 2012).

A fixação biológica do nitrogênio é realizada por determinados procariontes, denominados organismos fixadores de nitrogênio, que possuem a enzima nitrogenase. Os organismos fixadores podem ser de vida livre ou viver em associações. O complexo de

nitrogenase é altamente conservado nos microrganismos diazotróficos de vida livre e simbióticos (SANTI *et al.*, 2013).

A enzima primária que catalisa a redução de N<sub>2</sub> para amônia biodisponível é a nitrogenase dependente de molibdênio (Mo), embora outras formas de nitrogenase relacionadas filogenicamente, diferirem na composição do metal do seu sitio ativo (BOYD; PETERS 2013). A fixação de N<sub>2</sub> está associada a uma diversidade de microrganismos que exibem uma grande variedade de fisiologias que variam de aeróbios obrigatórios a anaeróbios estritos (SHRIDHAR 2012).

### **3.2.5 Bactérias amilolíticas**

O teor relativo de amilose e amilopectina varia com a fonte de amido. O amido é um hidrato de carbono complexo composto por dois constituintes: amilose e amilopectina. A amilase é uma enzima que hidroliza as moléculas de amido em polímeros que são constituídos de unidades de glicose, sendo as plantas, as bactérias e os fungos os principais produtores. As bactérias produtoras de amilases são amplamente presentes na natureza (SINGH; RANI, 2014).

Devido à disponibilidade de substratos, tais como amido e glicogênio como fontes importantes de energia, muitos microrganismos, plantas e animais evoluíram para produzir uma grande variedade de enzimas amilolíticas que podem hidrolisar tais fontes de carbono (MORADI *et al.*, 2014).

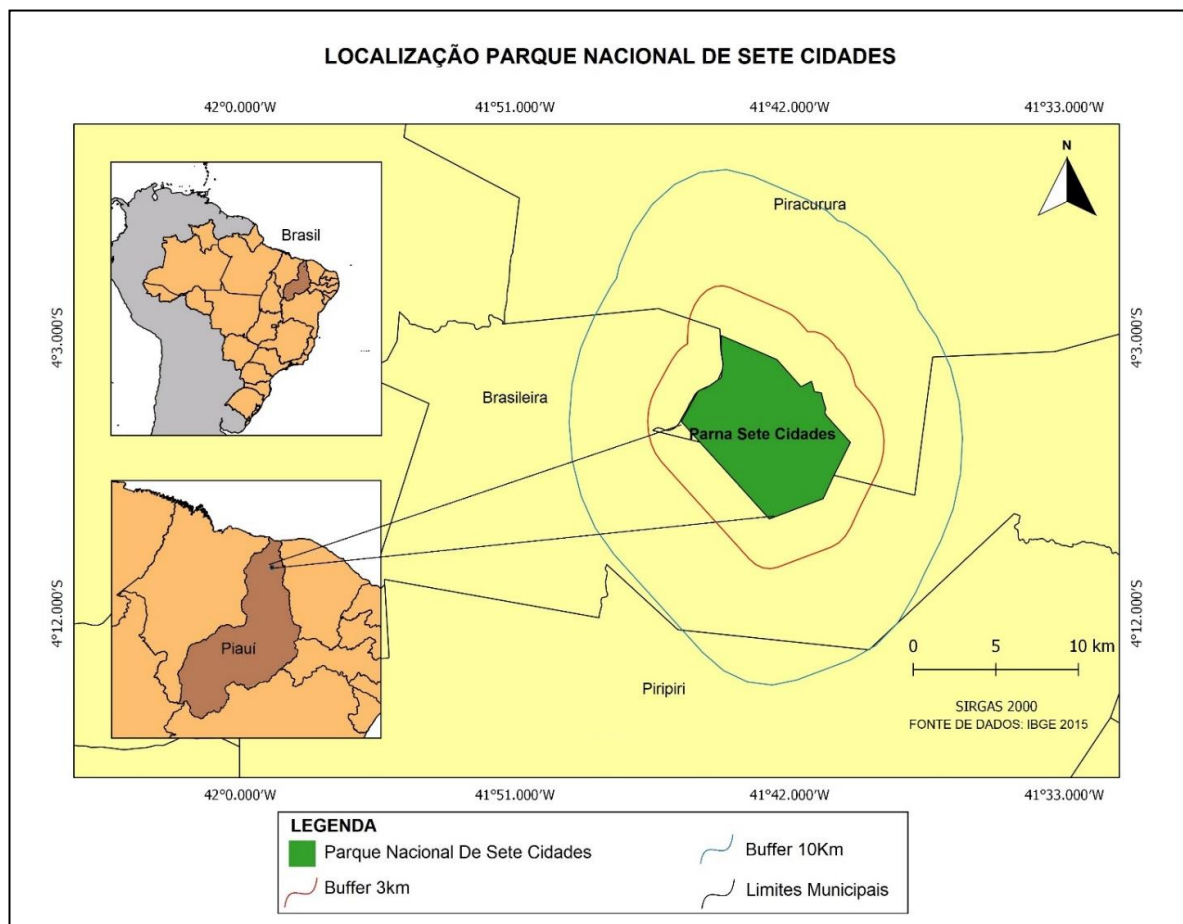
Muitos microrganismos têm potencial para produzir amilases, incluindo *Bacillus subtilis*, *B. cereus*, *B. polmyxa*, *B. amyloliquefaciens*, *B. coagulans*, *Lactobacillus*, *Escherichia*, *Proteus*, *B. licheniformis*, *B. steriothermophilus*, *B. vmegaterium*, *Streptomyces* sp. e *Pseudomonas* sp. (SINGH; RANI, 2014; SHARMA *et al.*, 2015).

## 4 MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Local de estudo

O estudo foi desenvolvido no Parque Nacional de Sete Cidades – PNSC (Figura 1), localizado no nordeste do estado do Piauí, nos municípios de Piriipiri, Piracuruca e Brasileira, entre as coordenadas 04°02'08" S e 41°40'45" W. O PNSC foi criado pelo Decreto Federal nº 50.744 de oito de junho de 1961 e suas principais vias de acesso são a BR-222, trecho Piriipiri/Fortaleza, e a BR-343, trecho Teresina/Parnaíba.

Figura 1 - Mapa de localização do Parque Nacional de Sete Cidades (PI)



Fonte: Autor, 2020

A temperatura média anual da área é de 26,5°C, com máxima média de 28,1°C em outubro e mínima de 25,5° C em junho. A precipitação média anual, em uma série de 30 anos



no Posto de Brasileira, a 30 quilômetros do PNSC, foi de em torno de 1.560 mm, dos quais cerca de 70% se concentram nos meses de fevereiro, 22 março e abril (INMET, 2018).

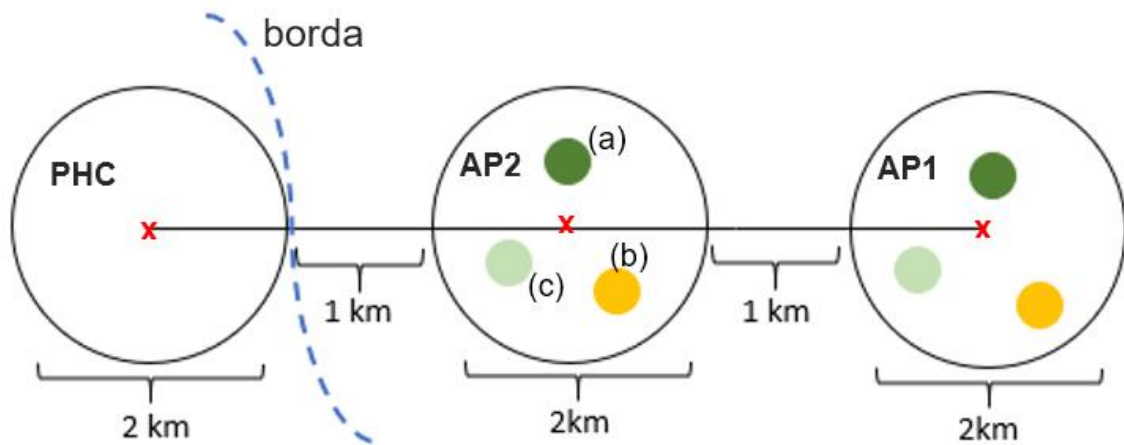
A vegetação da região é formada por um complexo mosaico de tipos estruturais dominados por formações de savana. (MANTOVANI *et al.*, 2017). Quanto ao relevo, a área apresenta uma superfície pediplana com altitude variando entre 100 e 300 m e presença de testemunhos isolados em formas cônicas e tabulares (IBDF 1979). O PNSC está inserido na bacia sedimentar do Parnaíba, do Meio-Norte ou do Piauí/Maranhão. Das feições ocorrentes, as mais importantes são os afloramentos rochosos ao norte e as formações arenosas que dominam o resto do Parque (JACOMINE *et al.* 1986).

A pecuária é a principal atividade econômica da região, seguida do extrativismo vegetal. O gado é criado à solta em pastos naturais não cercados, com domínio do rebanho bovino de corte, ficando a criação leiteira em posição secundária. As áreas de domínio do cerrado são reservadas ao gado na época da estiagem, pois a vegetação, que é resistente a seca, serve de alimento a criação. O extrativismo vegetal é proporcionado pela presença de manchas de carnaúba, que ocupam as áreas mais baixas, e de babaquais, encontradas nas áreas mais úmidas junto aos rios. A maioria das áreas cultivadas é destinada a culturas alimentares de subsistência (QUEIROZ, 2006).

#### **4.2 Delineamento amostral**

As coletas de solo foram realizadas no período de 15/05/2018 até 01/06/2018. Para a coleta das amostras foram sorteados aleatoriamente transectos em cada UC, partindo do centro de cada unidade em direção a área externa (1km da borda de cada UC) e distância mínima entre os transectos de 3 km (independência amostral). Ao longo do transecto e suas réplicas foram demarcadas áreas correspondentes ao uso do solo, indicadas como área preservada homogênea (PHC), usada como controle, e duas áreas mais externas contíguas com diferentes perturbações e fisionomias, identificadas como (AP1) e (AP2), conforme Figura 2.

Figura 2 - Desenho amostral do transecto constituído de uma área preservada homogênea controle (PHC), e duas áreas (AP1) e (AP2).



Fonte: Autor, 2019.

As paisagens mais externas às Unidades de Conservação, AP1 e AP2 foram identificadas e nomeadas em sua porção interna em função do uso do solo, como: área conservada (a), vegetação secundária (b) e área de agricultura (c), como apresentado nas Figuras 3 e 4.

Figura 3 - Área conservada (a) e área secundária (b).



Fonte: Autor, 2018

Figura 4 - Área de agricultura (c) e área preservada (PCH).



Fonte: Autor, 2018.

Os diferentes tipos de cobertura vegetal foram selecionados utilizando o método estatístico da estratificação aleatória. No total, 28 amostras de solo foram coletadas de 12 paisagens (Figura 5). As amostras foram nomeadas em relação ao uso do solo e o número do pixel selecionado (Tabela 1). A descrição dos usos do solo é apresentada no quadro 1. As amostras de solo em cada ponto foram coletadas de solo rizosférico na profundidade de 0 - 20 cm e compostas de cinco sub - amostras (LUCENA *et al.*, 2013). As amostras foram homogeneizadas assepticamente e acondicionadas em sacos plásticos etiquetados, conservados em caixas de isopor e encaminhadas para o Laboratório de Microbiologia Ambiental (LAMAB) do Departamento de Biologia da Universidade Federal do Ceará (UFC).

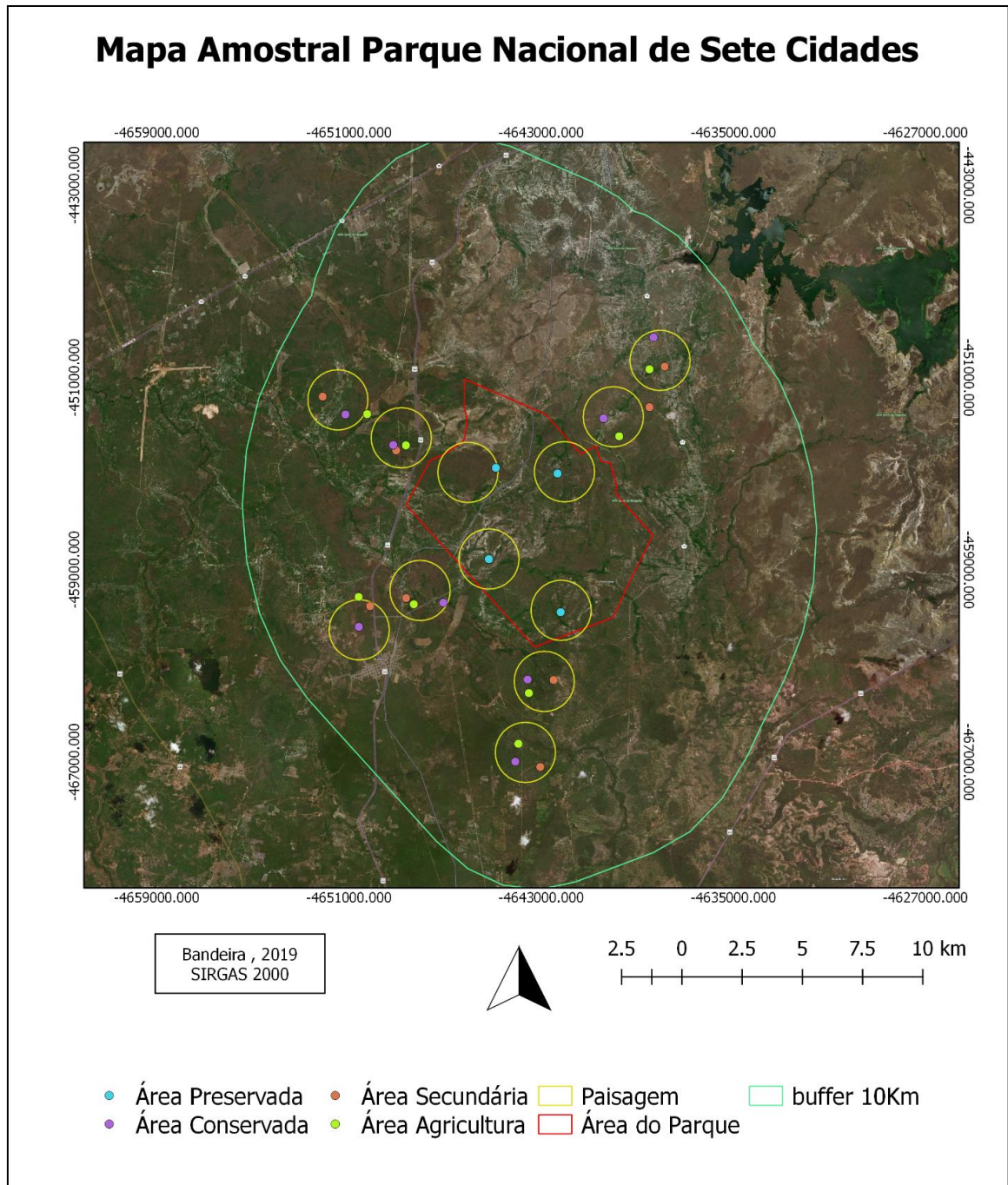
Quadro 1 - Descrição dos usos do solo

<b>Usos do solo</b>
<b>Preservada:</b> Engloba as áreas de coleta dentro da UC. Caracterizada pela presença de plantas nativas e em estágio de sucessão ecológico avançado.
<b>Secundária:</b> Áreas de coleta em espaços com vegetação mais espaçada e que já foram anteriormente ocupados por outras comunidades biológicas. Possui vegetação nativa em estágio de sucessão intermediário.
<b>Agricultura:</b> Áreas de coleta em locais de cultivo agrícola.
<b>Conservada:</b> Mancha de vegetação nativa em estágio avançado de sucessão ecológico, porém fora da UC.

Fonte: Adaptado de Projeto ICMBio, 2017.



Figura 5 - Mapa amostral da pesquisa



Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

Tabela 1 - Relação das amostras de solo coletadas.

<b>Pontos Amostrais</b>			
<b>Ponto</b>	<b>Latitude</b>	<b>Longitude</b>	<b>Uso do solo</b>
<b>PRE12</b>	-4,135537	-41,701505	Preservada
<b>A13</b>	-4,165696	-41,713396	Agricultura: milho, feijão, maxixe e abobora
<b>C14</b>	-4,160615	-41,713868	Conservada
<b>S15</b>	-4,160797	-41,704137	Secundária
<b>A16</b>	-4,184595	-41,717324	Agricultura: milho e feijão
<b>C17</b>	-4,191255	-41,718477	Conservada
<b>S18</b>	-4,193224	-41,709151	Secundária
<b>S21</b>	-4,130297	-41,759311	Secundária
<b>PRE22</b>	-4,115784	-41,728361	Secundária
<b>A23</b>	-4,13259	-41,756413	Agricultura: milho, feijão e abobora
<b>C24</b>	-4,131996	-41,745371	Conservada
<b>A26</b>	-4,129869	-41,777065	Agricultura: milho, feijão e abobora
<b>C27</b>	-4,141003	-41,776961	Conservada
<b>S28</b>	-4,133294	-41,772807	Secundária
<b>PRE30</b>	-4,081743	-41,743997	Preservada
<b>A31</b>	-4,073347	-41,759396	Agricultura: milho e feijão
<b>C32</b>	-4,073263	-41,764135	Conservada
<b>S33</b>	-4,075242	-41,763028	Secundária
<b>A34</b>	-4,061727	-41,773875	Agricultura: milho, feijão e mandioca
<b>C35</b>	-4,061852	-41,782004	Conservada
<b>S36</b>	-4,055215	-41,79051	Secundária
<b>PRE37</b>	-4,083874	-41,702658	Preservada
<b>A38</b>	-4,069984	-41,679596	Agricultura: milho e feijão
<b>C39</b>	-4,063284	-41,68549	Conservada
<b>S40</b>	-4,059149	-41,681981	Secundária
<b>A41</b>	-4,045	-41,668307	Agricultura: milho e feijão
<b>C42</b>	-4,0331	-41,666748	Conservada
<b>S43</b>	-4,044	-41,662597	Secundária

Fonte: Elaborado pelo autor, 2018.

### 4.3 Análises físicas e químicas do solo

As análises químicas das amostras de solo foram realizadas seguindo metodologias descritas por Teixeira *et. al.* (2017). Condutividade elétrica, pH, cálcio (Ca), magnésio (Mg), sódio (Na), potássio (K), fósforo disponível, ferro (Fe), cobre (Cu), zinco (Zn), manganês (Mn), alumínio (Al), carbono orgânico (C), matéria orgânica e nitrogênio foram as análises selecionadas, tendo em vista sua relação com a biota do solo.

Para a reação do solo (pH), foram pesados 10 g de solo e em seguida adicionados à 25 mL de água destilada, utilizando uma relação solo: líquido na proporção de 1:2,5. As amostras foram homogeneizadas e passaram por descanso de 1 hora. O pH foi determinado potenciométricamente após pré-calibragem com padrões de pH 4,0 e 7,0.

A condutividade elétrica foi determinada utilizando o extrato de saturação, por meio de condutivímetro com escala de leitura direta em dS m<sup>-1</sup> a 25 °C. Antes de serem realizadas as leituras das amostras, foi realizada a calibração da célula com solução padrão.

Os teores de Ca, Mg, Na e K foram extraídos agitando 12,5 g de Terra fina seca ao ar (TFSA) em 125 mL de solução de acetato de amônio 1N, com pH ajustado a 7,0, durante 5 minutos em agitador mecânico. Em seguida o extrato foi filtrado. Ca e Mg foram determinados por espectrofotometria de absorção atômica e Na e K por fotometria de chama.

Os teores de P foram extraídos agitando 5 g de TFSA em 50 mL de solução de Mehlich 1 (HCl 0,05 N e H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 0,025 N) durante 5 minutos em agitador mecânico. Em seguida o extrato foi filtrado e retirada dele uma alíquota de 5 mL, a qual foi adicionado 10 mL de solução ácida de molibdato de amônio diluída e aproximadamente 30 mg de ácido ascórbico em pó, como redutor. Após agitação por 2 minutos e descanso por 1 hora, foram feitas leituras em fotocolorímetro, usando comprimento de onda de 660 µm.

Os teores de Fe, Cu, Zn e Mn foram extraídos agitando 10 g de TFSA em 50 mL da solução de Mehlich 1 durante 5 minutos em agitador mecânico. Em seguida o extrato foi filtrado e realizada a leitura em espectrofotometria de absorção atômica.

O alumínio trocável foi extraído agitando 2,5 g de TFSA em 50 mL de solução de cloreto de potássio. Após agitação de 15 minutos, 25 mL do extrato foram pipetados, adicionados 3 gotas da solução de azul de bromotimol, em seguida foi realizada titulação com solução de 0,025 N de NaOH.

O teor de carbono orgânico foi determinado por oxidação da matéria orgânica do solo com dicromato de potássio 0,4 N (K<sub>2</sub>Cr<sub>2</sub>O<sub>7</sub>) em presença de ácido sulfúrico (H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>), passando por aquecimento em chapa por 5 minutos. Após aquecimento, foram adicionados 80

mL de água destilada, 2 mL de ácido fosfórico P.A (H<sub>3</sub>PO<sub>4</sub>) e 3 gotas de difenilamina ((C<sub>6</sub>H<sub>5</sub>)<sub>2</sub>NH), em seguida titulação com sulfato ferroso amoniacal 0,1 N (Fe(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>(SO<sub>4</sub>)<sub>2</sub>.6H<sub>2</sub>O). O cálculo do carbono foi realizado através da equação:

$$C \text{ (g/kg)} = (40 - \text{volume gasto}) \times f \times 0,6$$

$f = 40/\text{volume sulfatos ferroso gasto na prova em branco.}$

A matéria orgânica do solo foi calculada através da equação:

$$\text{Matéria orgânica (g/kg)} = C \text{ (g/kg)} \times 1,724$$

Para obtenção dos teores de nitrogênio total foram pesados 1,0 g de TFSA, adicionados 1,1 g da mistura catalisadora e 4 mL de ácido sulfúrico concentrado (H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>). Os tubos foram levados à capela e digeridos em bloco digestor à temperatura de 150°C por 1 hora, posteriormente ocorreu destilação e titulação com H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>. O nitrogênio foi calculado, em g kg<sup>-1</sup>, usando a seguinte formula:

$$N = \frac{(\text{Mac.28.Vac})}{1000} \cdot 1000$$

A análises granulométricas foram realizadas de acordo com protocolo descrito por Amaro Filho *et. al.*, (2008). Foi utilizado o método da pipeta, por conta de sua precisão. Para obtenção dos teores de areia, argila e silte do solo das áreas amostrais, 20g de TFSA de cada amostra de solo foram misturados com 100 mL de água destilada, 10 mL de hexametáfosfato de sódio e deixados em repouso por 15h. Após tempo de repouso, as amostras passaram por agitador e peneira de 0,0053 mm colocada sobre cilindro de sedimentação. Após coleta do material peneirado e demais procedimentos para obtenção dos teores de argila pelo cilindro de sedimentação, as amostras foram levadas a estuda a 105 °C. Os cálculos usados foram:

Porcentagem de argila = [(peso da argila + dispersante) – dispersante x 200 x fator de correção (f).

Porcentagem de areia = peso da areia x 5 x f.

Porcentagem de silte = 100 – (% de argila + % de areia).

#### **4.4 Quantificação dos grupos funcionais microbianos**

Bactérias celulolíticas, fixadoras de nitrogênio de vida livre, solubilizadoras de fosfato, amilolíticas e actinobactérias foram os grupos funcionais quantificados. Os grupos funcionais selecionados atuam diretamente na degradação de matéria orgânica e nos ciclos biogeoquímicos do carbono, nitrogênio e fósforo. A contagem das colônias em placa foi utilizada para estimar o potencial da comunidade microbiana em desempenhar cada função, sendo a abundância relativa (tamanho) o representativo de cada grupo funcional. Todos os procedimentos de quantificação foram realizados em triplicata e em três ensaios amostrais.

##### ***4.4.1 Diluição das amostras***

As bactérias foram isoladas de cada amostra de solo por meio de diluição em série e pelo método *spread plate*. Uma amostra de dez gramas (10 g) de solo foi dispersa em 90 ml de solução salina estéril (0.85%) e subsequentemente agitada em mesa agitadora por 30 min a 150 rpm. Utilizou-se então 1 ml da solução acima que foi novamente transferida para 9 ml de solução salina estéril para formar uma diluição  $10^{-2}$ . Da mesma forma, as diluições  $10^{-3}$  a  $10^{-4}$  foram feitas para cada amostra de solo (Figura 6).

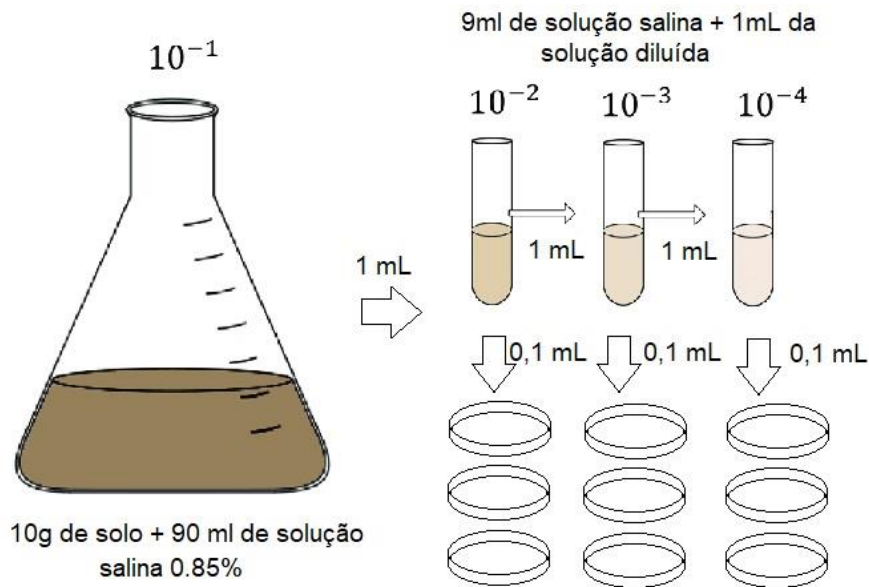
##### ***4.4.2 Contagem dos microrganismos***

###### ***4.4.2.1 Bactérias solubilizadoras de fosfato***

Foram espalhados 0,1 mL de cada uma das diluições no meio de ágar de Pikovskaya (PVK), cuja composição está descrita na Tabela 2, com pH ajustado em 7,0 ( $\pm$  0,2) e para contagem foram adicionados 10 mL.L<sup>-1</sup> de azul de bromofenol. As placas inoculadas foram incubadas a 28° C ( $\pm$ 2) durante sete dias (GOENADI; SUGIARTO 2000; PIKOVSKAYA, 1948). Após a incubação as colônias que apresentaram zonas de halo (precipitação de fosfato) foram consideradas como solubilizadoras de fosfato e procede-se com as contagens das colônias.



Figura 6 - Diluição das amostras de solo.



Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

Tabela 2 - Composição do Meio ágar Pikovskaya.

Substância	Quantidade
Dextrose	10 g
Ca <sub>3</sub> (PO <sub>4</sub> ) <sub>2</sub>	5,0 g
Extrato de levedura	0,5 g
(NH <sub>4</sub> ) <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	0,5 g
KCl	0,2 g
MgSO <sub>4</sub>	0,1 g
NaCl	0,2 g
FeSO <sub>4</sub>	0,002 g
MnSO <sub>4</sub>	0,002 g
Ágar	15 g
Água destilada	1 L

Fonte: Pikovskaya, 1948.

#### 4.4.2.2 Bactérias celulolíticas

O meio utilizado pra crescimento das colônias foi o ágar-celulose modificado com Vermelho Congo (CCRA) (HENDRICKS et al. 1995) cuja composição está descrita na Tabela 3. A incubação ocorreu durante sete dias a 28 ° C (± 2). Após este período, foram

consideradas celulolíticas as colônias que apresentaram halos revelados com solução de NaCl (2M).

Tabela 3 - Composição do meio ágar-celulose modificado.

<b>Substância</b>	<b>Quantidade</b>
Carboximetilcelulose	5g
MgSO <sub>4</sub>	0,25 g
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	0,5 g
Vermelho Congo	0,2 g
Gelatina	5 g
MgSO <sub>4</sub>	0,1 g
Ágar	15 g
Água destilada	1 L

Fonte: Hendricks *et al.* 1995.

#### 4.4.2.3 Bactérias diazotróficas de vida livre

Foram determinadas pelo uso do meio livre de nitrogênio de Burk (Tabela 4) (WILSON; KNIGHT, 1952; PARK *et al.*, 2005). O pH do meio foi ajustado para 7, com variação de 0,1 e auto clavado a 121°C durante 15 minutos. Após a inoculação, as placas foram incubadas durante sete dias a 28° C ( $\pm$  2) e, como o meio é seletivo, procedeu-se com a contagem direta das colônias.

Tabela 4 - Composição do meio Burk.

<b>Substância</b>	<b>Quantidade</b>
Dextrose	10 g
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	0,52 g
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	0,41 g
Na <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	0,05 g
CaCl <sub>2</sub>	0,2 g
MgSO <sub>4</sub>	0,1 g
FeSO <sub>4</sub>	0,005 g
Na <sub>2</sub> MoO <sub>4</sub>	0,0025 g
Ágar	15 g
Água destilada	1 L

Fonte: Wilson; Knight, 1952.

#### 4.4.2.4 Bactérias amilolíticas:

Preparou-se o meio de ágar mínimo 2% (Tabela 5). Como os demais meios, foi esterilizado em autoclave e vertido em placa de Petri. As placas com meio foram inoculadas com 0,1 ml de cada diluição e incubadas durante 12h a 37 °C e seis dias a 28°C (KANNAN 1996; CAPPUCCINO; SHERMAN 1996). Após a incubação, as placas com colônias bacterianas foram inundadas com a solução de iodo Gram (lugol) e observadas quanto à presença do halo de degradação do amido. Foram contabilizadas apenas as colônias que apresentarem halo de degradação.

Tabela 5 - Composição do meio mínimo de amido.

<b>Substância</b>	<b>Quantidade</b>
Dextrose	10 g
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	0,52 g
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	0,41 g
Na <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	0,05 g
CaCl <sub>2</sub>	0,2 g
MgSO <sub>4</sub>	0,1 g
FeSO <sub>4</sub>	0,005 g
Na <sub>2</sub> MoO <sub>4</sub>	0,0025 g
Ágar	15 g
Água destilada	1 L

Fonte: Kannan 1996.

#### 4.4.2.5 Actinobactérias

A diluição foi espalhada no meio de Caseína-dextrose-ágar – CDA (Tabela 6) (KUSTER; WILLIAMS, 1964, ARIFUZZAMAN et al., 2010). As placas foram incubadas durante sete dias a 28° C (± 2) e então procedeu-se com as contagens das colônias.

Tabela 6 - Composição do meio CDA.

<b>Substância</b>	<b>Quantidade</b>
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	0,5 g
MgSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	0,2 g
Dextrose	2 g
FeSO <sub>4</sub>	0,01 g
Caseína	0,2 g
Ágar	15 g
Água destilada	1L

Fonte: Kuster; Williams, 1964.

Em todos os meios de cultivo acima citados foi adicionado 3,5 mL. L<sup>-1</sup> de suspensão de nistatina padrão microbiológico (10.000 UI/ml) para inibir o crescimento dos fungos naturalmente presentes nas amostras de solo. Todos os resultados das contagens foram expressos como Unidades Formadoras de Colônias por grama de solo (UFC. g<sup>-1</sup>) e posteriormente convertidos para Log UFC. g<sup>-1</sup>.

#### 4.5 Análise dos dados

A abundância dos grupos e o índice de diversidade foram descritos a partir das contagens de colônias. A diversidade funcional de cada amostra de solo foi determinada a partir do índice de Shannon que foi calculado de acordo com a seguinte equação:

$$H = - \sum p_i (\ln p_i)$$

Onde “p<sub>i</sub>” é a abundância de cada grupo funcional no somatório de todas as contagens considerando os cinco grupos (MAGURRAN, 1988; GOMEZ et al. 2006). Os dados quantitativos obtidos pela análise físico-química do solo, as contagens de colônias e o índice de Shannon foram analisados por ANOVA e múltiplas comparações de médias pelo teste de Correlação de Pearson contemplando e os diferentes usos do solo. A interpretação dos índices de correlação pode ser vista na Tabela 7.

Tabela 7 - Interpretação dos índices de correlação

<b>Valor de <math>r</math> (+ ou -)</b>	<b>Interpretação</b>
<b>0,00 a 0,19</b>	Correlação muito fraca
<b>0,20 a 0,39</b>	Correlação fraca
<b>0,40 a 0,69</b>	Correlação moderada
<b>0,70 a 0,89</b>	Correlação forte
<b>0,90 a 1,00</b>	Correlação muito forte

Fonte: Callegari, 2003.

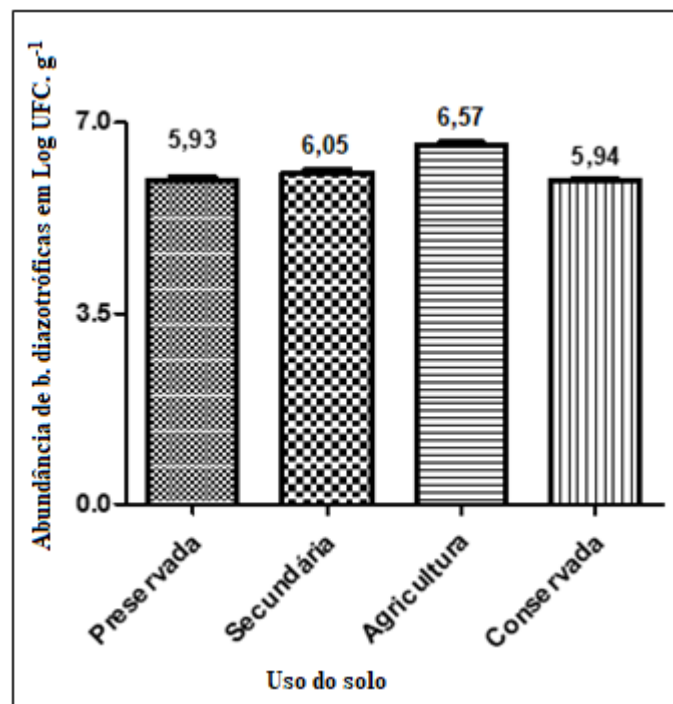
## 5 RESULTADOS

### 5.1 Bactérias diazotróficas de vida livre

Os resultados da abundância das bactérias diazotróficas de vida livre apresentaram diferença estatística significativa entre as áreas amostrais e os usos de solo ( $p < 0,05$ ). A área A34 registrou a maior abundância com 7,18 Log UFC. g<sup>-1</sup> de solo, enquanto o menor valor foi para a área S15 com 5,14 Log UFC. g<sup>-1</sup>.

A abundância das áreas de agricultura se diferenciou das demais com um valor médio de 6,57 Log UFC. g<sup>-1</sup>. Já a área preservada, apresentou a menor média com um valor de 5,93 Log UFC. g<sup>-1</sup> (Figura 7).

Figura 7 -Valores médios das abundâncias de bactérias diazotróficas de vida livre em relação ao uso do solo



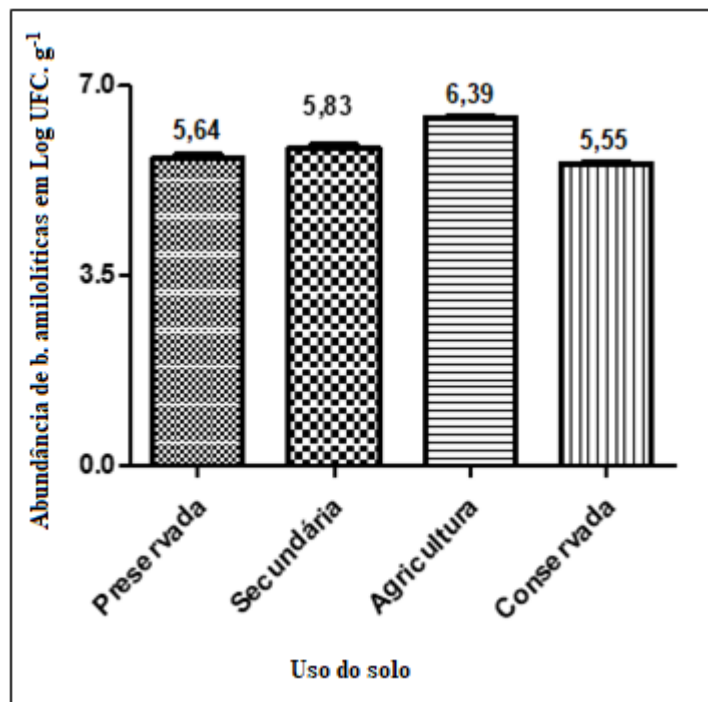
Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

### 5.1.1 Abundância de bactérias amilolíticas

A abundância desse grupo bacteriano também foi variada apresentando diferença significativamente diferente entre as áreas amostrais e entre os usos de solo ( $p < 0,05$ ). As áreas A34 e S15 mostraram o maior e menor valores de abundância, respectivamente 6,84 Log UFC. g<sup>-1</sup> e 4,88 UFC. g<sup>-1</sup>

Em relação ao uso do solo (Figura 8), nas áreas conservadas foram registradas a menor média de abundância de bactérias amilolíticas com 5,55 Log UFC. g<sup>-1</sup>. Nas áreas de agricultura essa contagem correspondeu a 6,39 Log UFC. g<sup>-1</sup>, destacando-se entre os usos de solo.

Figura 8 - Valores médios das abundâncias das bactérias amilolíticas em relação ao uso do solo



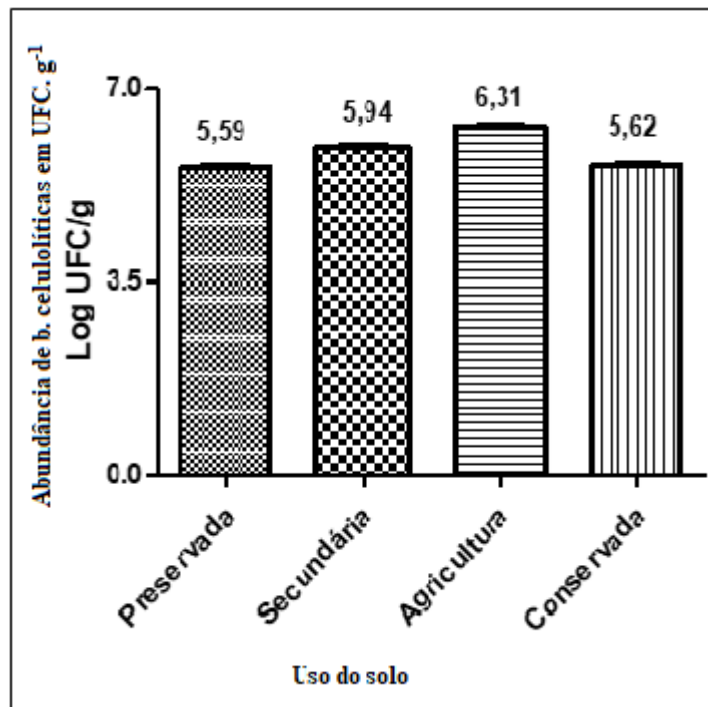
Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

### 5.1.2 Bactérias celulolíticas

A maior abundância deste grupo funcional bacteriano ocorreu na área S21 com 6,95 Log UFC. g<sup>-1</sup> de solo, enquanto a área PRE30 apresentou a menor abundância com 4,48 Log UFC. g<sup>-1</sup>. Houve diferença estatística significativa entre as áreas amostrais e os usos de solo ( $p < 0,05$ ).

Em relação ao uso do solo, as áreas de agricultura apresentaram a maior média com 6,31 Log UFC. g<sup>-1</sup> de solo. Por outro lado, nas áreas preservada e conservada foram detectadas as menores médias de abundância (Figura 9)

Figura 9 - Valores médios das abundâncias de bactérias celulolíticas em relação ao uso do Solo



Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

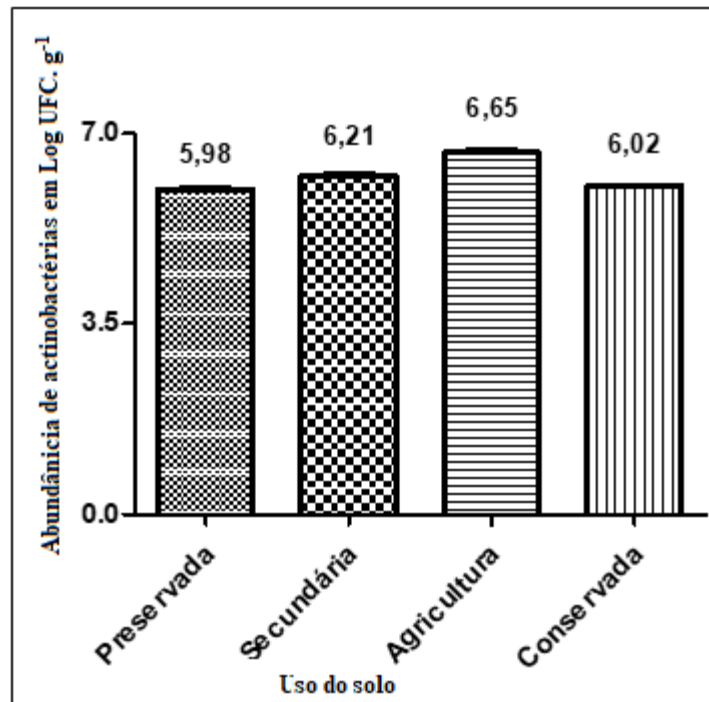
### 5.1.3 Actinobactérias

A abundância das actinobactérias foi diferente entre as áreas e usos do solo conforme o resultado da análise de variância ( $p < 0,05$ ). Esse grupo funcional se destacou entre os demais em função dos maiores valores registrados. Nas áreas A34 e S15 foram reportados os valores máximos e mínimos, de 7,43 Log UFC. g<sup>-1</sup> e 5,49 UFC.g<sup>-1</sup>, respectivamente.

Com relação ao uso do solo, a média nas áreas de agricultura e preservadas foram 6,65 Log UFC. g<sup>-1</sup> de solo. E 5,98 Log UFC. g<sup>-1</sup>, respectivamente (Figura 10).



Figura 10 - Valores médios das abundâncias de actinobactérias em relação ao uso do solo



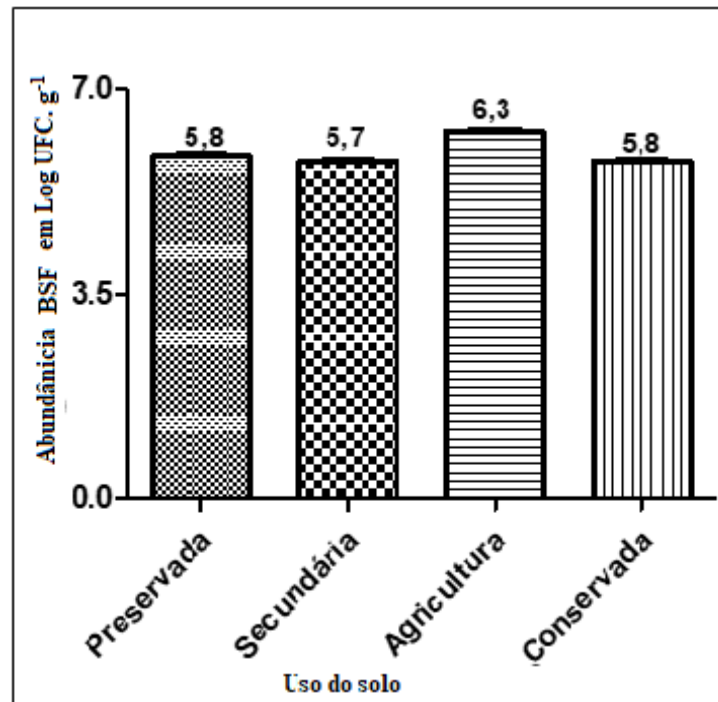
Fonte: Elaborado pelo autor, 2019

#### 5.1.4 Bactérias solubilizadoras de fosfato

Dentre os grupos funcionais avaliados as bactérias solubilizadoras de fosfato (BSF) apresentaram o menor valor de abundância 4,0 Log UFC. g<sup>-1</sup> de solo, na área S28. Esse grupo funcional também foi responsável pela maior variação entre as áreas amostrais com um mínimo de 4,0 Log de UFC. g<sup>-1</sup> para a área S28 a um valor máximo 7.2 Log de UFC. g<sup>-1</sup> para a área A34. A análise de variância mostrou que esses valores foram significativamente diferentes ( $p < 0,05$ ).

Quanto à relação da abundância deste grupo funcional ao uso do solo e de forma similar aos demais grupos já citados, nas áreas de agricultura também foi registrada a maior média de abundância com 6,3 Log UFC. g<sup>-1</sup> de solo diferindo significativamente dos outros usos de solo (Figura 11).

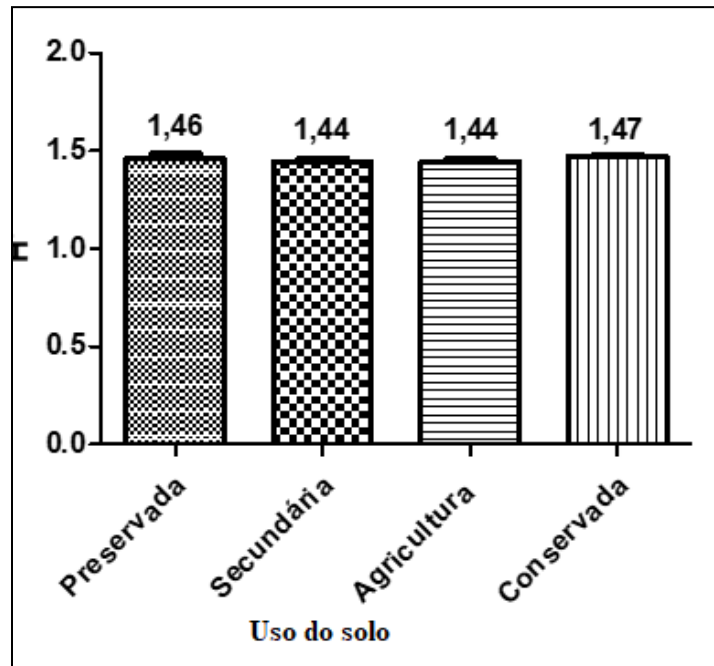
Figura 11 - Médias das abundâncias de bactérias solubilizadoras de fosfato em relação ao uso do solo



Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

## 5.2 Equabilidade dos grupos funcionais

Os resultados dos índices de diversidade de Shannon variaram de 1,07 para a área S40 a 1.60 para a área C42, entretanto não diferiram estatisticamente entre as áreas e uso de solo. ( $p=0,457$ ). As médias dos índices de diversidade por uso de solo estão apresentadas na Figura 12., onde constata-se que as áreas conservadas e preservadas apresentaram as maiores médias de Equabilidade.

Figura 12 - Valores do Índice de Shannon ( $H'$ ) por uso do solo

Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

### 5.3 Análise estatística dos grupos funcionais em relação ao uso do solo

A Tabela 8 mostra as diferenças significativas entre as abundâncias dos grupos funcionais considerando os diferentes usos de solo. Observa-se que a atividade agrícola provocou mudanças nas abundâncias dos cinco grupos funcionais, pois diferencia-se dos demais usos apresentando as maiores médias. Não houve diferença significativa entre as áreas secundária, conservada e preservada para as bactérias diazotróficas de vida livre e solubilizadoras de fosfato. Entretanto, as áreas preservadas e conservadas se diferenciaram em relação às demais considerando os grupos bactérias celulolíticas e actinobactérias.

Tabela 8 - Médias dos valores das abundâncias e Equabilidade dos grupos funcionais em relação aos usos do solo.

	Preservada	Secundária	Agricultura	Conservada
B. Diazotróficas	5,93 <sup>b</sup>	6,05 <sup>b</sup>	6,57 <sup>a</sup>	5,94 <sup>b</sup>
B. Amilolíticas	5,64 <sup>b</sup>	5,83 <sup>b</sup>	6,39 <sup>a</sup>	5,55 <sup>b</sup>
B. Celulolíticas	5,59 <sup>c</sup>	5,94 <sup>b</sup>	6,31 <sup>a</sup>	5,62 <sup>c</sup>
Actinobactérias	5,98 <sup>c</sup>	6,21 <sup>b</sup>	6,65 <sup>a</sup>	6,02 <sup>c</sup>
B. Solubilizadoras	5,85 <sup>b</sup>	5,74 <sup>b</sup>	6,27 <sup>a</sup>	5,75 <sup>b</sup>
Índice de Shannon	1,46*	1,44*	1,44*	1,47*

Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey (5% de significância). \* Não apresentou diferença estatística.

Fonte: Autor, 2020

#### 5.4 Características químicas e físicas do solo

De acordo com a análise de variância, todos os parâmetros avaliados (Tabela x) apresentaram diferença estatística significativa ( $\alpha = 0,05$ ). Foi possível verificar que os valores de pH variaram entre 3,98 a 5,77, sendo a área S33 de menor valor e A41 de maior valor. Em relação a condutividade elétrica (CE), a área A31 se destacou com o maior resultado 2290,00  $\mu\text{S}/\text{cm}$ , enquanto na área PRE22 a CE foi de 155,54  $\mu\text{S}/\text{cm}$ , correspondente ao menor registro para este parâmetro. Quanto aos resultados para alumínio (Al), a menor concentração foi observada na área A38, com 1,00 g/Kg, já nas áreas A16, C27 e S43 foi detectado o maior valor 11,00 g/Kg.

A concentração máxima de carbono orgânico (Corg) 27,36 g/Kg de solo foi observada na área PRE22. Já na área S33, esse valor foi de Corg com 1,74 g/Kg, representando a menor concentração. Como a Matéria Orgânica (MO) é diretamente relacionada ao Corg, as áreas que apresentam maiores e menores valores são proporcionais a esse elemento. Assim, a área PRE22 foi responsável pelo maior valor de MO de 47,17 g/Kg, enquanto na área S33 foi registrado 3,00 g/Kg., correspondente a menor concentração. Quanto ao nitrogênio (N), os maiores valores foram nas áreas PRE22 e A34 com 5,25 g/Kg de solo em ambas. Na área S33 a concentração de N foi de 0,05 g/Kg, constituindo-se o menor valor deste elemento nas áreas amostrais. Já a maior concentração de fósforo (P), foi na área A26 com 30,49 g/Kg de solo, enquanto o menor valor foi de 4,16 g/Kg na área S15.

Quanto aos teores de micronutrientes, observou-se uma maior concentração de ferro (Fe) de 331,69  $\text{cmolc}/\text{Kg}$  na área S21, enquanto a menor correspondente a 4,43  $\text{cmolc}/\text{Kg}$  foi observada na área A13. A concentração de manganês variou de 0,47 a 47,32  $\text{cmolc}/\text{Kg}$ , onde a área S15 apresentou menor valor para este elemento e a área A41 o maior. Cobre (Cu), a área C27 apresentou a concentração de 0,10  $\text{cmolc}/\text{Kg}$  correspondente ao menor valor detectado, enquanto a área A16 exibiu a maior concentração com 1,12  $\text{cmolc}/\text{Kg}$  desse elemento. Já os valores de Zinco (Zn) variaram de 0,06 a 5,63  $\text{cmolc}/\text{Kg}$ , onde a área S40 apresentou o menor valor e a área A38 o maior.

Os valores de sódio (Na) variaram de 0,05 a 0,08  $\text{cmolc}/\text{Kg}$ , sendo o menor valor encontrado na área S40 e o maior na S21. Para potássio (K), o maior valor foi observado na

área A41 com 0,18 cmolc/Kg, enquanto as áreas S15, S18 e S40 apresentaram o menor valor para este elemento com 0,03 cmolc/ Kg. Já as concentrações de cálcio (Ca), variaram entre 0,18 a 3,01 cmolc/Kg com a área A41 apresentando o maior resultado e S40 o menor. Quanto a magnésio (Mg), os valores variaram de 0,10 a 1,92 cmolc/ Kg, sendo o menor registrado na área S15 e o maior na A41.

Com relação à análise física, as porcentagens de areia variaram de 64,44% a 89,34% com a menor e maior porcentagem registradas nas áreas C32 e S40, respectivamente. A variação dos teores de silte, foi de 5,24% a 27,05% e os de argila de 5,43% a 15,06%. Os tipos de solo encontrados nas áreas foram: areia, areia franco e franco arenoso. A tabela x apresenta as medias das análises químicas e físicas em relação ao uso do solo.

A tabela 9 mostra os resultados das análises físicas e químicas de solo considerando as diferenças estatísticas entre os usos de solo. Observa-se que as médias foram variadas entre os diferentes usos de solo. Entretanto, considerando os 18 parâmetros químicos e físicos analisados, as áreas de agricultura se destacaram em nove deles com as maiores médias.

Tabela 9 - Médias dos parâmetros químicos e físicos do solo considerando os diferentes usos do solo.

Parâmetros	Uso do solo			
	Preservada	Secundária	Agricultura	Conservada
<b>pH</b>	4,76 <sup>b</sup>	4,76 <sup>b</sup>	5,37 <sup>a</sup>	4,72 <sup>b</sup>
<b>CE (uS. cm)</b>	580,72 <sup>b</sup>	818,53 <sup>ab</sup>	921,72 <sup>a</sup>	876,77 <sup>a</sup>
<b>CO (g. Kg)</b>	14,75 <sup>a</sup>	6,83 <sup>c</sup>	9,87 <sup>b</sup>	10,33 <sup>b</sup>
<b>MO (g. Kg)</b>	25,42 <sup>a</sup>	11,84 <sup>c</sup>	16,95 <sup>b</sup>	17,81 <sup>b</sup>
<b>N (g. Kg)</b>	3,51 <sup>a</sup>	1,53 <sup>c</sup>	3,10 <sup>a</sup>	2,56 <sup>b</sup>
<b>Na (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	0,063 <sup>a</sup>	0,057 <sup>bc</sup>	0,059 <sup>b</sup>	0,055 <sup>c</sup>
<b>K (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	0,073 <sup>b</sup>	0,069 <sup>b</sup>	0,11 <sup>a</sup>	0,069 <sup>b</sup>
<b>P (g. Kg)</b>	6,84 <sup>b</sup>	5,47 <sup>b</sup>	17,64 <sup>a</sup>	5,81 <sup>b</sup>
<b>Ca (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	0,90 <sup>b</sup>	0,41 <sup>c</sup>	1,66 <sup>a</sup>	0,41 <sup>c</sup>
<b>Mg (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	0,70 <sup>b</sup>	0,35 <sup>c</sup>	1,01 <sup>a</sup>	0,40 <sup>c</sup>
<b>Fe (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	16,08 <sup>b</sup>	79,33 <sup>a</sup>	54,37 <sup>a</sup>	66,59 <sup>a</sup>
<b>Mn (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	7,67 <sup>b</sup>	2,17 <sup>c</sup>	20,54 <sup>a</sup>	3,69 <sup>bc</sup>
<b>Cu (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	0,23 <sup>b</sup>	0,31 <sup>b</sup>	0,48 <sup>a</sup>	0,25 <sup>b</sup>
<b>Zn (cmol<sub>c</sub>. Kg)</b>	0,65 <sup>b</sup>	0,24 <sup>b</sup>	1,67 <sup>a</sup>	0,36 <sup>b</sup>
<b>Al (g. Kg)</b>	5,75 <sup>b</sup>	6,87 <sup>b</sup>	4,12 <sup>c</sup>	8,25 <sup>a</sup>
<b>Argila (%)</b>	7,19 <sup>b</sup>	11,45 <sup>a</sup>	10,50 <sup>a</sup>	8,67 <sup>b</sup>
<b>Silte (%)</b>	8,02 <sup>b</sup>	10,03 <sup>b</sup>	10,67 <sup>ab</sup>	13,40 <sup>a</sup>
<b>Areia (%)</b>	84,77 <sup>a</sup>	78,51 <sup>b</sup>	78,82 <sup>b</sup>	77,92 <sup>b</sup>

Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey (5% de significância).

Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.

## **5.5 Correlação entre os grupos funcionais bacterianos e as características químicas e físicas do solo**

A Tabela 10 mostra os coeficientes de correlação de Pearson significativos ( $p < 0,05$ ) entre populações microbianas e parâmetros químicos e de textura do solo. Os elementos Potássio, Cálcio e Magnésio apresentaram maior correlação positiva com os grupos funcionais bacterianos avaliados. Enquanto, teor de areia e alumínio foram elementos que com correlação negativa, ou seja, quanto maior a presença deste elemento menor a abundância do grupo funcional.

Para as bactérias diazotróficas de vida livre, constatou-se que a abundância deste grupo no solo apresentou forte correlação com as actinobactérias ( $r = 0,79$ ) e bactérias amilolíticas ( $r = 0,75$ ). Uma correlação moderada para abundância deste grupo foi verificada quanto aos teores de K, Ca, Mg e P do solo, que apresentara um coeficiente de correlação de Pearson de 0,65, 0,65, 0,59 e 0,55, respectivamente. Uma correlação fraca é encontrada ao relacionarmos as bactérias solubilizadoras de fosfato ( $r = 0,44$ ), pH ( $r = 0,46$ ) e N ( $r = 0,40$ ) a este grupo.

Quanto as bactérias amilolíticas, a maior correlação deste grupo funcional está com as actinobactérias ( $r = 0,80$ ) e uma correlação forte com K do solo ( $r = 0,75$ ). Correlação moderada foi encontrada ao relacionar a abundância deste grupo as bactérias solubilizadoras de fosfato, Ca, Mg e P com valores de  $r$  de 0,52, 0,57, 0,61 e 0,56, respectivamente. Correlação fraca para abundância deste grupo foi reportada para o pH ( $r = 0,48$ ) e N ( $r = 0,32$ ) do solo.

Bactérias celulolíticas também apresentaram maior correlação com as actinobactérias ( $r = 0,70$ ). Correlação moderada da abundância desse grupo foi encontrada com K, Ca, Mg e P, com os valores de  $r$  de 0,55, 0,56, 0,50 e 0,60, respectivamente. Fraca correlação deste grupo foi apresentada pelo pH ( $r = 0,40$ ), porém, diferentemente dos outros grupos funcionais bacterianos já citados, o N apresentou correlação desprezível ( $r = 0,20$ ).

Já as actinobactérias mostraram maior correlação com as bactérias amilolíticas e correlação forte com bactérias celulolíticas, bactérias diazotróficas, e K com valores de  $r$  de 0,70, 0,79 e 0,70, respectivamente. Correlação moderada deste grupo foi registrada com bactérias solubilizadoras de fosfato, Ca, Mg, P e pH com valores de  $r$  de 0,66, 0,63, 0,55 e 0,50, respectivamente

Em contrapartida, bactérias solubilizadoras de fosfato foi o grupo que não apresentou nenhuma correlação forte com os elementos já citados, apresentando correlação moderada com actinobactérias, bactérias amilolíticas, bactérias celulolíticas e K.

Tabela 10 - Coeficientes gerais de correlação de Pearson e *p value* estimados para os grupos funcionais bacterianos

<b>Parâmetros</b>	<b>B. diazotróficas</b>	<b>B. amilolíticas</b>	<b>B. celulolíticas</b>	<b>Actinobactérias</b>	<b>B. solubilizadoras de fosfato</b>
Actinobactérias	0,79 (<0,0001)	0,80 (<0,0001)	0,70 (<0,0001)	-	0,50 (<0,0001)
Bactérias amilolíticas	0,75 (<0,0001)	-	0,66 (<0,0001)	0,80 (<0,0001)	0,52 (<0,0001)
Bactérias celulolíticas	0,68 (<0,0001)	0,65 (<0,0001)	-	0,70 (<0,0001)	0,33 (<0,0001)
B. diazotróficas	-	0,75 (<0,0001)	0,68 (<0,0001)	0,79 (<0,0001)	0,51 (<0,0001)
B. solubilizadoras de fosfato	0,44 (<0,0001)	0,52 (<0,0001)	0,33 (<0,0001)	0,51 (<0,0001)	-
K	0,65 (<0,0001)	0,75 (<0,0001)	0,55 (<0,0001)	0,70 (<0,0001)	0,50 (<0,0001)
Ca	0,65 (<0,0001)	0,57 (<0,0001)	0,56 (<0,0001)	0,66 (<0,0001)	0,38 (<0,0001)
Mg	0,59 (<0,0001)	0,61 (<0,0001)	0,50 (<0,0001)	0,63 (<0,0001)	0,47 (<0,0001)
P	0,55 (<0,0001)	0,56 (<0,0001)	0,60 (<0,0001)	0,55 (<0,0001)	0,36 (<0,0001)
pH	0,46 (<0,0001)	0,48 (<0,0001)	0,40 (<0,0001)	0,50 (<0,0001)	0,47 (<0,0001)
N	0,40 (<0,0001)	0,32 (<0,0001)	0,20 (<0,0001)	0,33 (<0,0001)	0,30 (<0,0001)
Zn	0,47 (<0,0001)	0,46 (<0,0001)	0,45 (<0,0001)	0,42 (<0,0001)	0,28 (<0,0001)
Mn	0,59 (<0,0001)	0,55 (<0,0001)	0,41 (<0,0001)	0,61 (<0,0001)	0,29 (<0,0001)
Al	-0,38 (<0,001)	-0,13 (<0,04)	-0,33 (<0,0001)	-0,33 (<0,0001)	-0,35 (<0,0001)
Areia	-0,13(0,05)	-0,32(<0,0001)	-0,4 (0,04)	-0,20 (0,002)	-0,35 (<0,06)

Fonte: Elaborado pelo autor, 2019.



## 6 DISCUSSÃO

### 6.1 Abundância dos grupos funcionais bacterianos no solo

A maior abundância das bactérias diazotróficas de vida livre e amilolíticas no uso de solo agricultura pode estar relacionada à modificação dos atributos químicos do solo pelas culturas e o manejo do solo nesses locais. Uma maior disponibilidade de recursos pode reduzir a competição em comunidades microbianas (HUBBELL, 2005). Assim, os maiores valores de macronutrientes (K, Ca, Mg) e micronutrientes (Fe, Mn, Cu, Zn) na agricultura contribuem para a redução da competição dos grupos microbianos nesse uso de solo. Como a fixação de nitrogênio é um processo caro em termos de energia (ORR *et al.*, 2012), o aumento da disponibilidade desses nutrientes no solo da rizosfera pode ter um efeito mais pronunciado nas espécies diazotróficas no solo, promovendo assim um aumento de sua abundância.

Em relação ao grupo funcional das bactérias celulolíticas, estas são, junto a outros microrganismos, os principais produtores de enzimas que decompõem celulose e hemiceluloses nos solos, o que os torna os atores mais importantes na decomposição da biomassa vegetal (KOECK *et al.*, 2014). Apesar de diversas pesquisas com isolados, um modelo abrangente que pode descrever completamente os mecanismos pelos quais as celulases se desintegram e despolimerizam a celulose não foi desenvolvido. Alguns autores afirmam que os fungos sejam os principais decompositores de biopolímeros vegetais complexos em solos. No entanto, essas suposições são baseadas principalmente em resultados obtidos com culturas puras e podem não refletir a realidade. Alguns trabalhos indicam que as bactérias também contribuem significativamente para a decomposição (EICHORST *et al.*, 2012; ŠTURSOVÁ *et al.*, 2012).

Uma maior abundância de bactérias celulíticas no uso do solo agricultura pode estar mais relacionado ao tempo de decomposição da celulose do que a disponibilidade deste recurso no ambiente. Um estudo feito por Zhao *et al.*, (2005), avaliou a atividade celulolítica em solos com três diferentes tratamentos de fertilizantes e pode constatar que logo após o período de incubação a degradação da celulose teve seu pico máximo e, após esse período, variou de acordo com as características da área e o fertilizante usado. Como o uso do solo agricultura compreende espécies de cultivo, conseqüentemente mais jovens que as espécies

nativas encontradas em conservada e preservada, o pico a atividade celulolítica é mais alto nesse uso de solo, refletindo assim na abundância desse grupo funcional bacteriano.

Actinobactérias são um grupo funcional que pode ter predileção por solos ricos em metais, sendo abundantes em solos com alta presença de metais traços (GREMION *et al.*, 2003; SCHIMIDT *et al.*, 2005). Solos do Cerrado, como o de Sete Cidades, possuem consideráveis níveis de alumínio, manganês, ferro e outros metais, o que justifica a abundância e variação de actinobactérias encontrada. Observa-se que o uso de solo agricultura apresentou os valores mais significativamente diferentes dos demais usos de solo, seguido em abundância pela preservada. Ao atentarmos as análises químicas de solo, os valores de Fe, Zn, Mn e Cu foram maiores na agricultura, o que corrobora com as afirmações sobre presença de metais e actinobactérias.

As actinobactérias são um grupo funcional metabólica, fisiológica e morfologicamente diverso, e, portanto, grandes flutuações podem estar acontecendo a nível de gênero e espécie e que não foram medidas (SPAIN *et al.*, 2009). Liu *et al.*, (2017), em seu trabalho sobre estrutura das comunidades de actinobactérias em pastagens, identificaram que a temperatura foi o fator mais importante na estrutura e abundância nas comunidades de actinobactérias. Yang *et al.*, (2014), estudaram os principais fatores que afetam a comunidade microbiana no nível funcional e apontaram que a temperatura do solo afetou significativamente os genes funcionais microbianos do solo. Atentando-se a cobertura vegetal dos usos de solo nesta pesquisa, podemos afirmar que os usos de solo agricultura e secundária apresentam menos cobertura vegetal, o que consequentemente influencia na temperatura do solo e pode ser relacionada a maior abundância das actinobactérias nesses usos de solo.

Os valores de abundância das bactérias solubilizadoras de fosfato podem ser explicados por alguns fatores. A fertilização do solo, especialmente a aplicação de fosfatos minerais, tem um efeito maior na microbiota do solo do que a cobertura vegetal (NDUNGU-MAGIROI *et al.*, 2015). Wang, Zhao, *et al.*, (2015), compararam áreas de agricultura com culturas de arroz e áreas com um consórcio de arroz e trigo, os resultados mostraram que a composição da comunidade de solubilizadoras de fosfato foi semelhante entre os cultivos, mas a abundância relativa total destes microrganismos foi significativamente maior em solos fertilizados. Os resultados obtidos neste estudo mostram que o uso de solo que apresentou a maior abundância de solubilizadoras de fosfato foi a agricultura, enquanto a preservada, conservada e secundárias apresentaram valores que não diferiram significativamente. Pode-se inferir então, que o uso de fertilizantes nas áreas de agricultura contribuiu para a maior abundância deste grupo funcional bacteriano nestas áreas. Atentando-se a química do solo,

podemos ver que o teor de P na agricultura (média de 17,64 g.K-1) foi significativamente superior aos demais usos do solo o que corrobora com os resultados de abundância das solubilizadoras de fosfato nessas áreas.

A resposta das comunidades microbianas às fontes de P orgânicas e disponíveis é refletida pelo aumento da abundância e diversidade de espécies com a capacidade de mineralizar e solubilizar as formas de P pouco disponíveis e pode explicar o rápido acúmulo de P por certas bactérias, que são adaptados para competir por esse recurso (JORQUERA *et al.*, 2013; SANGUIN *et al.*, 2015). No entanto, as condições necessárias para mudar o ciclo microbiano de P do sequestro para a liberação de fosfato disponível para as plantas ainda são pouco compreendidas e exigirão uma compreensão mais holística da dinâmica abiótica e biótica que impulsiona a renovação do P na rizosfera (TERRAZAS *et al.*, 2016).

## **6.2 Estrutura dos grupos funcionais bacterianos no solo**

Os resultados da abundância desta pesquisa, vão de encontro com o proposto por Mendes *et. al.*, (2013), que diz que a comunidade microbiana da rizosfera constitui parte de uma complexa rede ecológica, que utiliza os nutrientes presentes no solo, que, por sua vez, são as principais forças motrizes na regulação da diversidade e atividade microbiana rizosférica.

As assembleias bacterianas são dependentes de uma infinidade de influências tróficas, que dependem da diversidade biológica ambiental (Caruso *et al.*, 2011). As duas teorias ecológicas que podem ser usadas para explicar melhor a montagem das comunidades bacterianas descritas neste estudo são a teoria neutra, que se concentra no processo estocástico, e a teoria do nicho, que considera a importância dos processos determinísticos (LEIBOLD; MCPEEK, 2006). Ambas as teorias, embora vistas como contraditórias, não são mutuamente exclusivas. Em alguns sistemas, os processos determinísticos (teoria do nicho) e estocástico (teoria neutra) são responsáveis pela estruturação das comunidades ecológicas (CHAVE, 2004). Isso vale para a montagem de comunidades bacterianas, bem como alguns estudos mostraram que processos determinísticos e neutros são operacionais na estruturação de comunidades microbianas (DUMBRELL *et al.*, 2010; CARUSO *et al.*, 2011; FERRENBURG *et al.*, 2013).

De acordo com Mendes *et. al.*, (2014), a seleção a nível funcional na rizosfera também parece ser baseada em processos de acordo com a teoria de nicho. Como a montagem

baseada em mecanismos de nicho é determinada pelos requisitos de nicho e pelas condições locais de habitat (CHAS; MYERS, 2011). Os autores presumiram então, que a seleção baseada em nicho observada na rizosfera é amplamente influenciada pela interação das características físico-químicas do solo e produtos derivados de raízes das plantas, que exercem forças sobre as comunidades microbianas.

### **6.3 Equabilidade dos grupos funcionais bacterianos analisados**

Mesmo com o avanço da ciência e técnicas microbiológicas, ainda temos um conhecimento limitado da relação entre diversidade microbiana e funcionamento do ecossistema, particularmente em ambientes terrestres (PETER *et al.*, 2011). As comunidades microbianas desempenham papéis importantes na manutenção de várias funções e serviços do ecossistema simultaneamente (multifuncionalidade), incluindo ciclagem de nutrientes, produção primária e decomposição de resíduos (WAGG *et al.*, 2014). Visto este contexto, as medidas de diversidade resultantes de índices como o de Shannon, além de fornecer informações sobre diversidade, podem servir como indicadores do equilíbrio de sistemas ecológicos, funcionando como ferramenta para o manejo ambiental (MAGURRAN, 1988).

O índice de Shannon mede o grau de incerteza em prever a que espécie pertence um indivíduo escolhido ao acaso em uma comunidade (SHANNON; WEAVER, 1963). Assim, quanto maior a diversidade maior será o valor do índice. Apesar dos resultados desta pesquisa apresentarem valores baixos para este índice (1,44 – 1,47), e não significativamente diferentes, eles podem nos fornecer indícios da redundância funcional dos grupos bacterianos nos usos de solo avaliados. Redundância funcional pode ser definida como a capacidade de um táxon microbiano de executar um processo na mesma taxa que outro nas mesmas condições ambientais (ALLISON, *et al.*, 2008).

Em seu estudo sobre diversidade microbiana em parques urbanos, Charlop-Powers e colaboradores (2016), não constataram diferenças entre as estimativas de diversidade entre diversos pontos de solo de parques urbanos com diferentes ecótipos. Os autores chegaram a conclusão que é possível crer que a diversidade da microbiota do solo é afetada mais pelo manejo aplicado ao este do que pelas espécies vegetais, por exemplo.

### **6.4 Análises físicas e químicas do solo e correlação dos grupos bacterianos**

O uso do solo agricultura apresentou as maiores diferenças significativas para os teores de pH, condutividade, N, P, K, Ca, Mg, Mn, Cu, Zn, e teores de argila e silte. Como apresentado anteriormente, isso pode ser uma explicação para as maiores abundância dos grupos funcionais bacterianos nesse uso de solo, já que esses grupos tem necessidades de nutrientes que estão relacionados a sua abundância (LU: GU, 2018).

As comunidades microbianas não estão isoladas no solo. Os grupos funcionais bacterianos também podem influenciar a abundância uns dos outros (MUMMEY *et al.*, 2010). As actinobactérias, por exemplo, apresentam uma alta correlação (> 70) com a abundância das bactérias amilolíticas, bactérias celololíticas e diazotróficas de vida livre. Isso pode ser explicado pelos serviços ecossistêmicos prestados por esse grupo funcional bacteriano no solo, como decomposição do húmus e participação na ciclagem do carbono no solo (BHATTI *et al.*, 2017). Além disso as actinobactérias também podem produzir enzimas como amilase e celulase (SILVA *et al.* 2015), participando assim ativamente destes outros grupos bacterianos. Outro fator que pode contribuir com essa relação é a elevada abundância das actinobactérias no solo rizosférico (TAKAHASHI *et al.*, 2003).

Quanto aos teores de K no solo foi observado uma alta correlação com bactérias amilolíticas e actinobactérias, além de uma correlação moderada com os demais grupos funcionais bacterianos analisados. O potássio é o um nutriente mineral essencial para as espécies vegetais e, depois do N, e tem alta mobilidade na planta, em qualquer concentração. Esse nutriente não é metabolizado na planta e forma ligações com moléculas orgânicas de fácil reversibilidade, além de ser o íon mais abundante nas células vegetais (Marschner, 1995). A associação desse elemento a abundância dos grupos bacterianos pode estar relacionada a relação planta – microrganismo (XU *et al.*, 2019; AFZAL *et al.*, 219).

Já os teores de Ca, Mg e P e pH apresentaram uma correlação moderada com todos os grupos funcionais bacterianos, menos as solubilizadoras de fosfato com as quais apresentaram uma correlação fraca. Nahas e colaboradores (1997), concluíram em seu estudo que a adição de elementos no solo, como formas que contém Ca, aumentou o número de bactérias totais, a biomassa microbiana e atividades dos microrganismos em solo de agricultura. Já a ciclagem de P do solo através da biomassa microbiana representa um controle crítico sobre a disponibilidade de P nas plantas. Por exemplo, estima-se que a biomassa microbiana até 50% do total de P em camadas superficiais ricas em orgânicos, serapilheira e rizosfera (ACHAT *et al.*, 2010; NANNIPIERI *et al.*, 2008). Assim as concentrações de P no solo podem ter relação direta com a abundância dos grupos funcionais bacterianos do solo.

Por algum motivo, o N apresentou apenas correlação fraca com os grupos funcionais bacterianos. O nitrogênio é um constituinte fundamental de todos os organismos vivos e é encontrado em aminoácidos, ácidos nucleicos, clorofila e outras biomoléculas essenciais (WAGNER, 2011). Os micronutrientes Zn e Mn apresentaram correlação que varia de moderada a fraca com a abundância dos grupos bacterianos. No solo, a disponibilidade de Zn e o estado nutricional das plantas podem influenciar a composição e a abundância da comunidade microbiana da rizosfera (Dotaniya ; Meena, 2015) e várias espécies bacterianas selecionadas talvez envolvidas no aumento da biodisponibilidade de micronutrientes na rizosfera. A microbiota que prospera na interface solo -raiz pode assim promover a solubilização / mobilização de Zn, reduzindo o pH do solo e liberando compostos quelantes (Subramanian, Tenshia, Jayalakshmi, & Ramachandran, 2009; Whiting, de Souza, & Terry, 2001). Em solos ácidos, como os apresentados neste estudo que são caracterizados por valores de pH inferiores a 5,5 e um potencial redox aumentado, os óxidos são facilmente reduzidos, resultando em um aumento da concentração de Mn (II) (Watmough, Eimers e Dillon, 2007).

Foi possível observar uma correlação negativa com a abundância dos grupos funcionais bacterianos com os teores de Al e areia. Como já observado por Pinã e Cervantes (1996), os microrganismos interagem continuamente com íons inorgânicos variados, alguns dos quais são essenciais para as funções biológicas, enquanto outros exercem efeitos inibitórios que limitam o desenvolvimento normal. O alumínio é um metal sem funções biológicas e, a esse respeito, refere-se à classe não essencial de elementos químicos. A presença de íons tóxicos no ambiente pode selecionar o aparecimento de variantes microbianas tolerantes. Assim, o alumínio é de fato um elemento que pode afetar negativamente a abundância dos grupos funcionais bacterianos no solo.

## 7 CONCLUSÃO

Neste trabalho foi possível observar que os grupos funcionais bacterianos: actinobactérias, bactérias diazotróficas de vida livre, bactérias solubilizadoras de fosfato, bactérias amilolíticas e bactérias celulolíticas tem uma significativa mudança em sua abundância quando relacionados ao uso do solo, sendo o uso agricultura onde se detectou maior média de abundância para todos os grupos funcionais avaliados.

As bactérias solubilizadoras de fosfato foi o grupo funcional que mais teve variação nas contagens, isso pode refletir que esse grupo bacteriano é mais sensível as variações de uso do solo e, desse modo, podem ser utilizadas como bioindicadores da qualidade do solo. Já as actinobactérias apresentaram maior abundância geral entre os grupos avaliados, comprovando sua dominância no solo rizosférico.

Quanto a diversidade dos grupos funcionais, apesar dos resultados deste estudo apresentarem valores relativamente baixos para este índice e não significativamente diferentes, eles podem nos fornecer indícios da redundância funcional dos grupos bacterianos nos usos de solo avaliados.

Os parâmetros de solo que mais influenciaram positivamente a abundância dos grupos funcionais bacterianos estudados foram pH, N, P, K, Ca, Mg, Zn e Mn, enquanto Al e teor de areia foram parâmetros que apresentaram correlação negativa com os grupos bacterianos. Os demais parâmetros avaliados não demonstraram correlação significativa, porém outras análises estatísticas podem ser usadas para se debater mais profundamente sobre seu papel em relação as comunidades bacterianas.

## REFERÊNCIAS

- ACHAT, David L. *et al.* Assessing turnover of microbial biomass phosphorus: combination of an isotopic dilution method with a mass balance model. **Soil Biology and Biochemistry**, [s. l.], v. 42, n. 12, p. 2231-2240, 2010.
- AFZAL, Imran *et al.* Plant beneficial endophytic bacteria: Mechanisms, diversity, host range and genetic determinants. **Microbiological research**, [s. l.], v.221, apr., p. 36-49, 2019.
- ALLISON, Steven D.; MARTINY, Jennifer BH. Resistance, resilience, and redundancy in microbial communities. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [s. l.], v. 105, n. Supplement 1, p. 11512-11519, 2008.
- AMARO FILHO, Joaquim; ASSIS JÚNIOR, Raimundo Nonato; MOTA, Jaedson Cláudio Anunciato. **Física do solo: conceitos e aplicações**. Fortaleza: Imprensa Universitária, 2008. v. 1.
- ARIFUZZAMAN, M.; KHATUN, M. R.; RAHMAN, Hamidur. Isolation and screening of actinomycetes from Sundarbans soil for antibacterial activity. **African Journal of Biotechnology**, [s. l.], v. 9, n. 29, p. 4615-4619, 2010.
- AZZIZ, Gastón *et al.* Abundance, diversity and prospecting of culturable phosphate solubilizing bacteria on soils under crop–pasture rotations in a no-tillage regime in Uruguay. **Applied Soil Ecology**, [s. l.], v. 61, p. 320-326, 2012.
- BALSER, Teri C.; KINZIG, Ann P.; FIRESTONE, Mary K. **Linking soil microbial communities and ecosystem functioning**. The functional consequences of biodiversity: empirical progress and theoretical extensions. [s. l.]: [s.n], 2002. p. 265-293.
- BARKA, Essaid Ait *et al.* Taxonomy, physiology, and natural products of Actinobacteria. **Microbiol. Mol. Biol. Rev.**, [s. l.], v. 80, n. 1, p. 1-43, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1128/mnbr.00019-15>.
- BAUMANN, Karen *et al.* Soil microbial diversity affects soil organic matter decomposition in a silty grassland soil. **Biogeochemistry**, [s. l.], v. 114, n. 1-3, p. 201-212, 2013. DOI: 10.1007/s10533-012-9800-6.
- BERLEMONT, Renaud *et al.* Cellulolytic potential under environmental changes in microbial communities from grassland litter. **Frontiers in microbiology**, Lausanne- Switzerland, v. 5, nov., p. 639, 2014. DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00639>.
- BHATTI, Asma Absar; HAQ, Shamsul; BHAT, Rouf Ahmad. Actinomycetes benefaction role in soil and plant health. **Microbial pathogenesis**, [s. l.], v. 111, p. 458-467, out. 2017.
- Buscot, F. What are soils? *In*: Varma, A., Buscot, F. (eds). **Microorganisms in soils: roles in genesis and functions**. Soil Biology, Berlin-Heidelberg. v. 3. Springer, [https://doi.org/10.1007/3-540-26609-7\\_1](https://doi.org/10.1007/3-540-26609-7_1).



CALLEGARI-JACQUES, S. M. Testes não-paramétricos. **Bioestatística: princípios e aplicações**. São Paulo, Brasil: Artmed, 2003. p. 165-184.

CAPPUCCINO, J. G., SHERMAN, N.A. **Laboratory manual in general microbiology**. 4. ed. California: Benjamin Commius, 1996. p. 215-224.

CARUSO, Tancredi *et al.* Stochastic and deterministic processes interact in the assembly of desert microbial communities on a global scale. **The ISME journal**, [s. l.], v. 5, n. 9, p. 1406-1413, 2011.

CHASE, Jonathan M.; MYERS, Jonathan A. Disentangling the importance of ecological niches from stochastic processes across scales. **Philosophical transactions of the Royal Society B: Biological sciences**, [s. l.], v. 366, n. 1576, p. 2351-2363, 2011.

CHÁVEZ, Luis Fernando *et al.* Diversidade metabólica e atividade microbiana no solo em sistema de integração lavoura-pecuária sob intensidades de pastejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 10, p. 1254-1261, 2011.

CHODAK, Marcin *et al.* Functional diversity of soil microbial communities under Scots pine, Norway spruce, silver birch and mixed boreal forests. **Pedobiologia Journal of Soil Ecology**, [s. l.], v. 58, n. 2-3, p. 81-88, 2015.

DAS, Amal Chandra; DEBNATH, Anjan. Effect of systemic herbicides on N<sub>2</sub>-fixing and phosphate solubilizing microorganisms in relation to availability of nitrogen and phosphorus in paddy soils of West Bengal. **Chemosphere**, [s. l.], v. 65, n. 6, p. 1082-1086, 2006.

DEGENS, Bradley P. Decreases in microbial functional diversity do not result in corresponding changes in decomposition under different moisture conditions. **Soil Biology and Biochemistry**, [s. l.], v. 30, n. 14, p. 1989-2000, 1998.

DUMBRELL, Alex J. *et al.* Relative roles of niche and neutral processes in structuring a soil microbial community. **The ISME journal**, [s. l.], v. 4, n. 3, p. 337-345, 2010.

EICHORST, Stephanie A.; KUSKE, Cheryl R. Identification of cellulose-responsive bacterial and fungal communities in geographically and edaphically different soils by using stable isotope probing. **Appl. Environ. Microbiol.**, [s. l.], v. 78, n. 7, p. 2316-2327, 2012.

FERRENBURG, Scott *et al.* Changes in assembly processes in soil bacterial communities following a wildfire disturbance. **The ISME journal**, [s. l.], v. 7, n. 6, p. 1102-1111, 2013.

FIERER, Noah *et al.* Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [s. l.], v. 109, n. 52, p. 21390-21395, 2012.

FIERER, Noah; JACKSON, Robert B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [s. l.], v. 103, n. 3, p. 626-631, 2006.

GOENADI, Didiek H. *et al.* Bioactivation of poorly soluble phosphate rocks with a phosphorus-solubilizing fungus. **Soil science society of America journal**, [s. l.], v. 64, n. 3, p. 927-932, 2000.

GREMION, F.; CHATZINOTAS, A.; HARMS, H. Comparative 16S rDNA and 16SrRNA sequence analysis indicates that Actinobacteria might be a dominant part of the metabolically active bacteria in heavy metal-contaminated bulk and rhizosphere soil. **Environmental Microbiology**, [s. l.], v. 5, p. 896–907, 2003.

GRZĄDZIEL, Jarosław; GAŁĄZKA, Anna. Microplot long-term experiment reveals strong soil type influence on bacteria composition and its functional diversity. **Applied Soil Ecology**, [s. l.], v. 124, p. 117-123, 2018.

GUO, Lanbin B.; GIFFORD, R. M. Soil carbon stocks and land use change: a meta analysis. **Global change biology**, [s. l.], v. 8, n. 4, p. 345-360, 2002.

HUBBELL, Stephen P. Neutral theory in community ecology and the hypothesis of functional equivalence. **Functional ecology**, [s. l.], v. 19, n. 1, p. 166-172, 2005.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA - INMET. **Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa** - BDMEP. 2018. Disponível em: [http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/form\\_mapas\\_c\\_diario.php](http://www.inmet.gov.br/projetos/rede/pesquisa/form_mapas_c_diario.php). Acesso em: 2 fev. 2018.

INSTITUTO BRASILEIRO DE DESENVOLVIMENTO FLORESTAL (IBDF). **Plano de Manejo**: Parque Nacional de Sete Cidades. Brasília: Fundação Brasileira para a Conservação da Natureza (FBCN), 1979..

IRFAN, Muhammad *et al.* Isolation and screening of cellulolytic bacteria from soil and optimization of cellulase production and activity. **Turkish Journal of Biochemistry/Turk Biyokimya Dergisi**, [s. l.], v. 37, n. 3, 2012.

JACOMINE, P. K. T. *et al.* Levantamento exploratório de solos do estado do Piauí (escala 1: 1000). **Boletim de Pesquisa**, [s. l.], v. 36, n. 18, 1986.

JANSSEN, Peter H. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes. **Appl. Environ. Microbiol.**, [s. l.], v. 72, n. 3, p. 1719-1728, 2006.

JAYASINGHE, BAT Dinishi; PARKINSON, Dennis. Actinomycetes as antagonists of litter decomposer fungi. **Applied soil ecology**, [s. l.], v. 38, n. 2, p. 109-118, 2008.

JEANBILLE, M.; BUÉE, M.; BACH, C.; CÉBRON, A.; FREY-KLETT, P.; TURPAULT, M. P.; UROZ, S. Soil parameters drive the structure, diversity and metabolic potentials of the bacterial communities across temperate beech forest soil sequences. **Microbial Ecology**, Nova York, v. 71, n. 2, p. 482-493, 2016.

KANDELER, F.; KAMPICHLER, Ch; HORAK, O. Influence of heavy metals on the functional diversity of soil microbial communities. **Biology and fertility of soils**, v. 23, n. 3, p. 299-306, 1996.

- KANNAN, N. **Laboratory manual in general microbiology**. Palani: Paramount Publication, 1996. p. 67-72.
- KARPAGAM, T. *et al.* Isolation and characterization of phosphate solubilizing microbes from agricultural soil. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, Tamilnadu, India, v. 3, n. 3, p. 601-614, 2014.
- KENNEDY, A. C.; SMITH, K. L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. **Plant and soil**, [s. l.], v. 170, n. 1, p. 75-86, 1995.
- KERTESZ, Michael A. Assessment of functional diversity and structure of phytate-hydrolysing bacterial community in *Lolium perenne* rhizosphere. **Plant and soil**, [s. l.], v. 401, n. 1-2, p. 151-167, 2016.
- KOECK, D. E.; PECHTL, A.; ZVERLOV, V. V. ; SCHWARZ, W. H. Genomics of cellulolytic bacteria. **Curr. Opin. Biotechnol**, [s. l.], v. 29, p. 171-183, 2014.
- KORANDA, Marianne *et al.* Seasonal variation in functional properties of microbial communities in beech forest soil. **Soil Biology and Biochemistry**, [s. l.], v. 60, p. 95-104, 2013.
- KRAUSE, Sascha *et al.* Trait-based approaches for understanding microbial biodiversity and ecosystem functioning. **Frontiers in microbiology**, [s. l.], v. 5, p. 251, 2014.
- FAN, Kunkun *et al.* Soil pH correlates with the co-occurrence and assemblage process of diazotrophic communities in rhizosphere and bulk soils of wheat fields. **Soil Biology and Biochemistry**, [s. l.], v. 121, p. 185-192, 2018.
- KÜSTER, E.; WILLIAMS, S. T. Selection of media for isolation of streptomycetes. **Nature**, Reino Unido, v. 202, n. 4935, p. 928-929, 1964.
- LANGE, Markus *et al.* Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage. **Nature communications**, [s. l.], v. 6, n. 1, p. 1-8, 2015.
- LAUBER, Christian L. *et al.* Temporal variability in soil microbial communities across land-use types. **The ISME journal**, [s. l.], v. 7, n. 8, p. 1641-1650, 2013.
- LEIBOLD, M. A.; MCPEEK, M. A. Coexistence of the niche and neutral perspectives in community ecology. **Ecology**, [s. l.], v.87, p. 1399-410, 2006.
- LIN, H. S. *et al.* Soil moisture patterns in a forested catchment: A hydro-pedological perspective. **Geoderma**, [s. l.], v. 131, n. 3-4, p. 345-368, 2006.
- LIU, Xiao *et al.* Community structure and elevational distribution pattern of soil Actinobacteria in alpine grasslands. **Acta Ecologica Sinica**, [s. l.], v. 37, n. 4, p. 213-218, 2017.
- LIU, Zhiguang *et al.* Characterization of phosphate-solubilizing bacteria isolated from calcareous soils. **Applied Soil Ecology**, [s. l.], v. 96, p. 217-224, 2015.

LÓPEZ-MONDEJAR, Rubén *et al.* Cellulose and hemicellulose decomposition by forest soil bacteria proceeds by the action of structurally variable enzymatic systems. **Scientific reports**, [s. l.], v. 6, p. 25279, 2016.

LÓPEZ-MORALES, Ernesto; SHIN, Hyun Bang; LEES, Loretta. **Latin American gentrifications**. [s.n.t], 2016.

LUO, Ling; GU, Ji-Dong. Nutrient limitation status in a subtropical mangrove ecosystem revealed by analysis of enzymatic stoichiometry and microbial abundance for sediment carbon cycling. **International Biodeterioration & Biodegradation**, [s. l.], v. 128, p. 3-10, 2018.

MA, Ronghua *et al.* A half-century of changes in China's lakes: Global warming or human influence? **Geophysical Research Letters**, [s. l.], v. 37, n. 24, 2010.

MAGURRAN, Anne E. **Ecological diversity and its measurement**. [s. l.]: Princeton university press, 1988.

MANTOVANI, Waldir *et al.* A conservação da biodiversidade no domínio da Caatinga. **Pesquisas em unidades de conservação no domínio da caatinga: subsídios à gestão**, 2017.

MARINARI, S. *et al.* Soil development and microbial functional diversity: proposal for a methodological approach. **Geoderma**, [s. l.], v. 192, p. 437-445, 2013.

MARSCHNER, H. Functions of mineral nutrients: macronutrients. *In*: ARSCHNER, H. **Mineral nutrition of higher plants**. 2. ed. London: Academic Press, 1995. p. 231-255.

MENDES, Rodrigo; GARBEVA, Paolina; RAAIJMAKERS, Jos M. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. **FEMS microbiology reviews**, [s. l.], v. 37, n. 5, p. 634-663, 2013.

MIAO, Vivian; DAVIES, Julian. Actinobacteria: the good, the bad, and the ugly. **Antonie Van Leeuwenhoek**, [s. l.], v. 98, n. 2, p. 143-150, 2010.

MILKO A, Jorquera *et al.* Phytate addition to soil induces changes in the abundance and expression of Bacillus  $\beta$ -propeller phytase genes in the rhizosphere. **FEMS microbiology ecology**, Cambridge, United Kingdom, v. 83, n. 2, p. 352-360, 2013.

MOOSHAMMER, Maria *et al.* Adjustment of microbial nitrogen use efficiency to carbon: nitrogen imbalances regulates soil nitrogen cycling. **Nature communications**, [s. l.], v. 5, p. 3694, 2014.

MORADI, Meisam *et al.* Screening and isolation of powerful amylolytic bacterial strains. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s. l.], v. 3, n. 2, p. 758-768, 2014.

MOREIRA, F.M.S. ; SIQUEIRA, J. O. **Microbiologia e bioquímica do solo**. Lavras: Ufla, 2006.

- MUMMEY, Daniel L. *et al.* Spatial analysis reveals differences in soil microbial community interactions between adjacent coniferous forest and clearcut ecosystems. **Soil Biology and Biochemistry**, [s. l.], v. 42, n. 7, p. 1138-1147, 2010.
- NACKE, Heiko *et al.* Pyrosequencing-based assessment of bacterial community structure along different management types in German forest and grassland soils. **PloS one**, [s. l.], v. 6, n. 2, 2011.
- NAEEM, Shahid; WRIGHT, Justin P. Disentangling biodiversity effects on ecosystem functioning: deriving solutions to a seemingly insurmountable problem. **Ecology letters**, [s. l.], v. 6, n. 6, p. 567-579, 2003.
- NAHAS, E.; DELFINO, J. H.; ASSIS, L. C. Atividade microbiana e propriedades bioquímicas do solo resultantes da aplicação de gesso agrícola na cultura do repolho. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 54, n. 3, p. 160-166, 1997.
- NANNIPIERI, Paolo *et al.* Microbial diversity and soil functions. **European journal of soil science**, [s. l.], v. 54, n. 4, p. 655-670, 2003.
- NDUNGU-MAGIROI, Keziah Wairimu *et al.* Minjingu phosphate rock applications increase the population of phosphate solubilising microorganisms with a positive impact on crop yields in a Kenyan Ferralsol. **Nutrient cycling in agroecosystems**, [s. l.], v. 102, n. 1, p. 91-99, 2015.
- ORR, Caroline H. *et al.* Diversity and activity of free-living nitrogen-fixing bacteria and total bacteria in organic and conventionally managed soils. **Appl. Environ. Microbiol.**, [s. l.], v. 77, n. 3, p. 911-919, 2011.
- PARK, Myoungsu *et al.* Isolation and characterization of diazotrophic growth promoting bacteria from rhizosphere of agricultural crops of Korea. **Microbiological Research**, [s. l.], v. 160, n. 2, p. 127-133, 2005.
- PATAGUNDI, Basavaraj I.; SHIVASHARAN, C. T.; KALIWAL, B. B. Isolation and characterization of cellulase producing bacteria from soil. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s. l.], v. 3, n. 5, p. 59-69, 2014.
- PETER, Hannes *et al.* Function-specific response to depletion of microbial diversity. **The ISME journal**, [s. l.], v. 5, n. 2, p. 351-361, 2011.
- PIKOVSKAYA, R. I. Mobilization of phosphorus in soil in connection with the vital activity of some microbial species. **Microbiology**, [s. l.], v.17, p. 362-370, 1948.
- QUEIROZ, Teresinha. **Economia piauiense da pecuária ao extrativismo**. Teresina: Editora da UFPI, 2006.
- TERRAZAS, R. Alegria; GILES, C; PATERSON, E. ; ROBERTSON-ALBERTYN, S. ; CESCO, S.; MIMMO, T. ; PII, Y. ; BULGARELL, D. Plant–Microbiota Interactions as a Driver of the Mineral Turnover in the Rhizosphere, **Advances in Applied Microbiology**, [s. l.], v. 95, p. 1-67, apr. 2016. cap. 1.

- ROMEU-DALMAU, Carla *et al.* Impacts of land use change due to biofuel crops on climate regulation services: five case studies in Malawi, Mozambique and Swaziland. **Biomass and Bioenergy**, [s. l.], v. 114, p. 30-40, 2018.
- ROUSK, Johannes *et al.* Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil. **The ISME journal**, [s. l.], v. 4, n. 10, p. 1340-1351, 2010.
- SANDERMAN, Jonathan; HENGL, Tomislav; FISKE, Gregory J. Soil carbon debt of 12,000 years of human land use. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [s. l.], v. 114, n. 36, p. 9575-9580, 2017.
- SCHIMEL, Joshua; SCHAEFFER, Sean Michael. Microbial control over carbon cycling in soil. **Frontiers in microbiology**, [s. l.], v. 3, p. 348, 2012.
- SCHMALENBERGER, Achim; TEBBE, Christoph C. Bacterial community composition in the rhizosphere of a transgenic, herbicide-resistant maize (*Zea mays*) and comparison to its non-transgenic cultivar Bosphore. **FEMS Microbiology Ecology**, Cambridge, United Kingdom, v. 40, n. 1, p. 29-37, 2002.
- SCHMIDT, A.; HAFERBURG, G.; SENERIZ, M.; MERTEN, D.; BÜCHEL, G.; KOTHE, E. Heavy metal resistance mechanisms in actinobacteria for survival in AMD contaminated soils. **Chemie der Erde-Geochemistry Journal**, [s. l.], v. 65, p. 131-144, 2005.
- SCHÖNFELD, J. *et al.* Effects of compost addition and simulated solarisation on the fate of *Ralstonia solanacearum* biovar 2 and indigenous bacteria in soil. **FEMS Microbiology Ecology**, Cambridge, United Kingdom, v. 43, n. 1, p. 63-74, 2003.
- SHARMA, Arun Kumar *et al.* Isolation and Screening of Amylolytic Bacteria from Soil. **Int J Sci Res Agric Sci**, [s. l.], v. 2, p. 159-165, 2015.
- SHARMA, Gaurav *et al.* Efficient removal of coomassie brilliant blue R-250 dye using starch/poly (alginate-chitosan) nanohydrogel. **Process Safety and Environmental Protection**, [s. l.], v. 109, p. 301-310, 2017.
- SINGH, Dharmesh *et al.* Strong elevational trends in soil bacterial community composition on Mt. Halla, South Korea. **Soil Biology and Biochemistry**, [s. l.], v. 68, p. 140-149, 2014.
- SINGH, Jay Shankar. Microbes: the chief ecological engineers in reinstating equilibrium in degraded ecosystems. **Agriculture, ecosystems & environment**, [s. l.], v. 203, p. 80-82, 2015.
- SIQUEIRA, José Oswaldo *et al.* Microrganismos e processos biológicos do solo: perspectiva ambiental. 1994.
- SMITH, J. O. *et al.* Projected changes in mineral soil carbon of European croplands and grasslands, 1990–2080. **Global Change Biology**, Illinois, USA, v. 11, n. 12, p. 2141-2152, 2005.
- SPAIN, A. M.; KRUMHOLZ, L. R.; ELSHAHED, M. S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. **The ISME Journal**, [s. l.], v. 3, p. 992-1000, 2009.

SPERA, Stephanie A. *et al.* Land-use change affects water recycling in Brazil's last agricultural frontier. **Global Change Biology**, Illinois, USA, v. 22, n. 10, p. 3405-3413, 2016.

ŠTURSOVÁ, M. ; ŽIFČAKOVÁ, L. ; LEIGH, M. B. ; BURGESS, R. ; BALDRIAN, P. Cellulose utilization in forest litter and soil: identification of bacterial and fungal decomposers. **FEMS Microbiology Ecology**, Cambridge, United Kingdom, v. 80, p. 735-746. 2012.

SZOBOSZLAY, Márton *et al.* Impact of land-use change and soil organic carbon quality on microbial diversity in soils across Europe. **FEMS microbiology Ecology**, Cambridge, United Kingdom, v. 93, n. 12, p. fix146, 2017.

SZOBOSZLAY, Márton *et al.* Impact of land-use change and soil organic carbon quality on microbial diversity in soils across Europe. **FEMS microbiology Ecology**, Cambridge, United Kingdom, v. 93, n. 12, p. fix146, 2017.

TAKAHASHI, Yoko; OMURA, Satoshi. Isolation of new actinomycete strains for the screening of new bioactive compounds. **The Journal of general and applied microbiology**, Tokyo, Japan, v. 49, n. 3, p. 141-154, 2003.

TEIXEIRA, Paulo César *et al.* **Manual de métodos de análise de solo**. Rio de Janeiro: [S.n], 2017. v. 4.

TORSVIK, Vigdis; ØVREÅS, Lise. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems. **Current opinion in microbiology**, [s. l.], v. 5, n. 3, p. 240-245, 2002.

TRIVEDI, Chanda *et al.* Losses in microbial functional diversity reduce the rate of key soil processes. **Soil Biology and Biochemistry**, [s. l.], v. 135, p. 267-274, 2019.

VAN DAM, Nicole M.; HEIL, Martin. Multitrophic interactions below and above ground: en route to the next level. **Journal of Ecology**, [s. l.], v. 99, n. 1, p. 77-88, 2011.

VANCE, Carroll P. Symbiotic nitrogen fixation and phosphorus acquisition. Plant nutrition in a world of declining renewable resources. **Plant physiology**, [s. l.], v. 127, n. 2, p. 390-397, 2001.

WAGG, Cameron *et al.* Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [s. l.], v. 111, n. 14, p. 5266-5270, 2014.

WANG, Yu *et al.* A five-year P fertilization pot trial for wheat only in a rice-wheat rotation of Chinese paddy soil: interaction of P availability and microorganism. **Plant and soil**, [s. l.], v. 399, n. 1-2, p. 305-318, 2016.

WILSON, Geoffrey G. Cloned restriction-modification-systems a review. **Gene**, Bethesda, MA, v. 74, n. 1, p. 281-289, 1988.

WILSON, Perry William ; KNIGHT, Stanley G. Experiments in bacterial physiology. **The Quarterly Review of Biology**, [s. l.], v. 26, n. 2, p. 227, 1952. DOI:10.1086/398175.

- WOO, Hannah L. *et al.* Enzyme activities of aerobic lignocellulolytic bacteria isolated from wet tropical forest soils. **Systematic and Applied Microbiology**, [s. l.], v. 37, n. 1, p. 60-67, 2014.
- XU, Weifang *et al.* Diversity of cultivable endophytic bacteria in mulberry and their potential for antimicrobial and plant growth-promoting activities. **Microbiological Research**, [s. l.], v. 229, p. 126328, 2019.
- YANG, Jiang-Ke *et al.* Community composition and cellulase activity of cellulolytic bacteria from forest soils planted with broad-leaved deciduous and evergreen trees. **Applied Microbiology and Biotechnology**, [s. l.], v. 98, n. 3, p. 1449-1458, 2014.
- YANG, Y., Gao, Y., Wang, S. *et al.* The microbial gene diversity along an elevation gradient of the Tibetan grassland. **The ISME Journal**, Canada, v. 8, p.430-440, 2014.
- ZHALNINA, Kateryna *et al.* Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment. **Microbial Ecology**, [s. l.], v. 69, n. 2, p. 395-406, 2015.
- ZHANG, Li; XU, Zhihong. Assessing bacterial diversity in soil. **Journal of Soils and Sediments**, [s. l.], v. 8, n. 6, p. 379-388, 2008.
- ZHANG, Qian *et al.* Alterations in soil microbial community composition and biomass following agricultural land use change. **Scientific reports**, [s. l.], v. 6, p. 36587, 2016.
- ZHAO, Yong *et al.* Dynamics of microbial community structure and cellulolytic activity in agricultural soil amended with two biofertilizers. **European Journal of Soil Biology**, [s. l.], v. 41, n. 1-2, p. 21-29, 2005.
- ZILLI, Jerri Édson *et al.* Diversidade microbiana como indicador de qualidade do solo. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, Brasília, DF, v. 20, n. 3, p. 391-411, 2003.