

**UNIVERSIDADE DA INTEGRAÇÃO INTERNACIONAL DA
LUSOFONIA AFRO- BRASILEIRA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS EXATAS E DA NATUREZA
CURSO DE LICENCIATURA EM CIÊNCIAS DA NATUREZA E
MATEMÁTICA**

PAULO ROBERTO SOUSA FERREIRA

**CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE BACTERIANA DE SOLOS DA
CAATINGA (CEARÁ) DE ÁREAS PRESERVADAS E SOB CONDIÇÕES
DE DESERTIFICAÇÃO**

**ACARAPE-CEARÁ
2016**

PAULO ROBERTO SOUSA FERREIRA

CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE BACTERIANA DE SOLOS DA
CAATINGA (CEARÁ) DE ÁREAS PRESERVADAS E SOB CONDIÇÕES DE
DESERTIFICAÇÃO

Monografia apresentada ao Curso de Licenciatura em Ciências da Natureza e Matemática do Instituto de Ciências da Natureza e Matemática da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia afro-brasileira, como requisito parcial para obtenção do Título de Licenciado em Ciências da Natureza e Matemática com Habilitação em Biologia.

Orientadora: Profa. Dra. Vanessa Lúcia Rodrigues Nogueira

ACARAPE - CEARÁ
2016

**Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro- Brasileira
Direção de Sistema Integrado de Bibliotecas da UNILAB (DSIBIUNI)
Biblioteca Setorial Campus Liberdade
Catalogação na fonte**

Bibliotecário: Gleydson Rodrigues Santos – CRB-3 / 1219

F439c Ferreira, Paulo Roberto Sousa.

Caracterização da diversidade bacteriana de solos da Caatinga (Ceará) de áreas preservadas e sob condições de desertificação. / Paulo Roberto Sousa Ferreira. – Acarape, 2016.

43 f.; 30 cm.

Monografia apresentada do Curso de Ciências da Natureza e Matemática, do Instituto de Ciências Exatas e da Natureza (ICEN) da Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-brasileira – UNILAB.

Orientadora: Profa. Dra. Vanessa Lúcia Rodrigues Nogueira.

Inclui figuras, tabelas e referências.

1. Caatinga - Aspectos ambientais. 2. Caatinga – Desertificação. I. Título.

CDD 338.73609813

BANCA EXAMINADORA

Profa.: Dra. Vanessa Lúcia Rodrigues Nogueira (Orientadora)
Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira - UNILAB

Profa.: Dra. Márcia Barbosa de Sousa
Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira - UNILAB

Prof.: Dr. Jober Fernando Sobczak
Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira - UNILAB

Aprovada em: ___/___/_____

DEDICATÓRIA

A Deus.

Aos meus familiares.

A todos os meus amigos.

AGRADECIMENTOS

À Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-brasileira (UNILAB), pela parceria com o ENEM para a promoção do acesso ao Ensino Superior.

Ao Curso de Licenciatura em Ciências da Natureza e Matemática, pelo apoio institucional, didático e construtivo.

Ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC) da UNILAB, pelo apoio financeiro na manutenção de minha bolsa de pesquisa.

À Profa. Dra. Vanessa Lúcia Rodrigues Nogueira, pela excelente orientação.

Ao Prof. Dr. Antonio Roberto Xavier, pelo empenho e orientação demonstrado da disciplina de TCC I.

Aos professores participantes da Banca examinadora, pelas valiosas colaborações e sugestões.

A todos a todos os professores que fizeram parte da minha formação acadêmica.

Aos colegas da turma de graduação, pelas reflexões, críticas e sugestões recebidas.

“Até aqui nos ajudou o Senhor”

(1 Samuel 7.12)

RESUMO

A Caatinga é um bioma exclusivamente brasileiro, predominando na região nordeste. Esse bioma caracteriza-se por grande riqueza da fauna e da flora, porém pouco é conhecido sobre a diversidade microbiana. Nos últimos anos, a Caatinga vem sofrendo um intenso processo de desertificação, principalmente no semiárido, causando vários danos à paisagem natural, degradação do solo e conseqüentemente perda da biodiversidade. Assim, esse trabalho teve como objetivo caracterizar a diversidade bacteriana do solo de Caatinga e analisar possíveis alterações dessas comunidades com processo de desertificação. Esse trabalho analisou seqüências metagenômicas obtidas por sequenciamento para classificação taxonômica e funcional de duas áreas, uma de reserva e outra sob degradação, usando a plataforma MG-RAST. Adicionalmente, foram avaliadas a composição química das amostras de solos de ambas as regiões. Os solos apresentaram-se ácidos, com quantidades relativamente similares de K, Al, matéria orgânica e carbono orgânico. Entretanto, P, Ca, Mg e N apresentaram concentrações mais elevadas na área degradada, refletindo efeitos do tempo longo de manejo praticado na área. Quanto à diversidade taxonômica, não foram observadas diferenças significativas entre as regiões. Foi detectado uma dominância do Domínio Bacteria representado em sua maioria pelos filos Actinobacteria, Proteobacteria, Firmicutes, Chloroflexi, Planctomycetes, Cyanobacteria e Bacteroidetes. Entre as classes e as ordens dominantes destacaram-se as proteobactérias, Alphaproteobacteria (Rhizobiales), Betaproteobacteria (Burkholderiales), Deltaproteobacteria (Myxococcales, Desulfuromonadales, Syntrophobacterales e Desulfovibrionales) e Gammaproteobacteria (Alteromonadales, Xanthomonadales, Enterobacterales, Chromatiales e Pseudomonadales), além de Actinobacteria (Actinomycetales e Solirubrobacterales). Semelhantemente também não foi detectado diferenças nas categorias funcionais entre as duas regiões estudadas. Foi observado uma abundância dos metabolismos constitutivos comuns nos ambientes, além de resposta ao estresse. Esse trabalho trouxe a caracterização do microbioma do solo da Caatinga fornecendo uma grande contribuição para os estudos de ecologia microbiana e prospecção biotecnológica. Apesar de não ter sido detectado alterações na composição taxonômica e funcional na área degradada, não significa que não esteja sendo impactado por ações antrópicas e a desertificação. No entanto, análises em níveis mais específicos devem ser realizadas, além de ferramentas estatísticas para chegar a uma real conclusão sobre os efeitos da desertificação, e a partir disso, auxiliar em futuros projetos de uso sustentável do solo, ou de recuperação das áreas já degradadas.

PALAVRAS-CHAVE: Caatinga, Desertificação, Diversidade Microbiana, Metagenômica.

ABSTRACT

Caatinga is an exclusively Brazilian biome, mainly in the Northeast. This biome is characterized by great wealth of fauna and flora, but little is known about the microbial diversity. In recent years, the Caatinga has been suffering an intense process of desertification, especially in the semi-arid, causing several damages to the natural landscape, soil degradation and loss of biodiversity. Thus, this work had as objective to characterize soil bacterial diversity of Caatinga and analyze possible changes of those communities with desertification. This work analyzed the metagenomic sequences obtained by sequencing for taxonomic and functional classification of two areas, a reserve and one under degradation, using the platform MG-RAST. In addition, we evaluated the chemical composition of the soil samples of both regions. The soils were acids, with relatively similar quantities of K, Al, organic matter and organic carbon. However, P, Ca, Mg and N showed higher concentrations in the degraded area, reflecting long time effects of bad use of the soil. As for taxonomic diversity, the significant differences were observed between regions. It was detected the dominance of Bacteria represented mostly by phyla Actinobacteria, Proteobacteria, Firmicutes, Chloroflexi, Planctomycetes, Cyanobacteria and Bacteroidetes. Between classes and dominant orders were the Proteobacteria, Alphaproteobacteria (Rhizobiales) Betaproteobacteria (Burkholderiales) Deltaproteobacteria (Myxobacteria, Desulfuromonadales, Syntrophobacterales and Desulfovibrionales) and Gammaproteobacteria (Alteromonadales, Xanthomonadales, Enterobacteriales, Chromatiales and Pseudomonadales) and Actinobacteria (Actinomycetales and Solirubrobacterales). Similarly also not detected differences in functional categories between the two regions studied. It was observed an abundance of metabolisms constituting common in environments, as well as response to stress. This work brought the characterization of Caatinga soil microbiome providing a great contribution to the studies of microbial ecology and biotechnology prospecting. Although no changes were detected in the taxonomic and functional composition in the degraded area does not mean it is not being impacted by anthropogenic actions and desertification. However, analysis on more specific levels should be performed, and statistical tools to reach a real conclusion about the effects of desertification, and from that, assist in future projects on sustainable land use, or recovery of degraded areas.

KEYWORDS: Caatinga, Desertification, Microbial diversity, Metagenomics.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	9
2 REFERENCIAL TEÓRICO	10
2.1 Bioma Caatinga	10
2.2 Problemática na Caatinga: processo de desertificação	11
2.3 Diversidade microbiana no solo	13
3 OBJETIVOS	16
3.1 Objetivo geral	16
3.2 Objetivos específicos	16
4 MATERIAIS E MÉTODOS	17
4.1 Descrição das áreas de estudo	17
4.2 Amostragem e obtenção das sequências	17
4.3 Análise da composição química do solo	18
4.4 Análise taxonômica das sequências metagenômicas	18
4.5 Análise funcional das sequências metagenômicas	18
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
5.1 Caracterização dos solos	20
5.2 Caracterização taxonômica da diversidade microbiana	21
5.3 Diversidade funcional	29
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS	32
REFERÊNCIAS	33

1 INTRODUÇÃO

A Caatinga é o único bioma exclusivamente brasileiro. Predominantemente, ela situa-se na região nordeste, ocupando uma área de 844.453 Km², correspondendo cerca de 11% do país (BRASIL, 2016). Em relação as suas condições físicas e climáticas, peculiares da região semiárida, a Caatinga apresenta uma grande diversidade de vegetação, altamente adaptada às condições ambientais como escassez de água e nutrientes (ALVES, 2008; CEARÁ, 2010).

A Caatinga, atualmente, vem enfrentando um processo de desertificação muito intenso, principalmente, na região do semiárido, sendo o Ceará um dos estados mais afetados, onde encontram-se as áreas mais susceptíveis a desertificação desse bioma (CEARÁ, 2010). Assim, acredita-se que o processo de degradação da Caatinga tem sido aumentado devido aos fatores antrópicos como o manejo inadequado do solo na agricultura, a derrubada de árvores, as queimadas, entre outros (MILHOME et al., 2009; CASTRO; FERREIRA; MATTOS, 2011).

Nesse sentido, levanta-se a possibilidade de que esse intenso processo de degradação enfrentado pela Caatinga pode estar afetando a sua diversidade microbiana. Assim, é importante destacar que a microbiota presente na Caatinga realiza muitas funções importantes que contribuem para a manutenção desse ecossistema. No entanto, pouco é conhecido sobre a estrutura e composição dos micro-organismos desse bioma. Assim, conhecer a comunidade microbiana presente nesse ecossistema é imprescindível para avaliar os impactos sofridos na Caatinga, assim como promover estudos voltados para a redução desses impactos por meio de projetos de manejo sustentáveis, visando a restauração de áreas já degradadas.

Dessa maneira, é importante destacar que a comunidade microbiana tem grande importância para a sustentação do equilíbrio e desenvolvimento dos ecossistemas através da manifestação do seu potencial genético. Assim, percebe-se que a alteração das comunidades bacterianas, pode gerar desequilíbrio de funções importantes nos ecossistemas realizadas pelos micro-organismos, que são responsáveis por inúmeros processos biológicos, como por exemplo, a mineralização dos nutrientes, tornando-os disponíveis na solução e estruturação do solo (LAVELLE, 2000; BONONI, 2016).

Nesse contexto, os estudos metagenômicos comparativos de comunidades microbiológicas de ambientes naturais tem mostrado avanços ao conhecimento sobre essa grande diversidade, mostrando alterações taxonômicas e funcionais entre vários ecossistemas sob interferências antrópicas pelo mundo. Sendo assim, esse trabalho buscou estudar a diversidade bacteriana presente em solos de regiões da Caatinga, visando contribuir com conhecimento sobre a diversidade biológica desse bioma, ainda tão pouco explorado, como avaliar possíveis alterações dessas comunidades em áreas degradadas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Bioma Caatinga

O termo Caatinga define um dos tipos de vegetação xerófila do nordeste brasileiro, especificamente, aquele encontrado sobre os solos rasos e pouco permeáveis dos afloramentos cristalinos amplamente distribuídos na região (RIZZINI, 1979). Segundo Alves (2007), a origem desse termo vem do tupi-guarani, Caa (mata) e Tinga (branca), mata branca, o que caracteriza a paisagem no período de estiagem quando a vegetação perde as folhas e fica com um aspecto seco e sem vida.

Segundo o Ministério do Meio Ambiente, a Caatinga é único bioma exclusivamente brasileiro. Ela situa-se, predominantemente, na região nordeste do Brasil, englobando os estados de Alagoas, Bahia, Ceará, Maranhão, Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte, Piauí, Sergipe e o norte de Minas Gerais, ocupando uma área de cerca de 844.453 quilômetros quadrados, o equivalente a 11% do território nacional (BRASIL, 2016).

De acordo com Alves (2008), o clima presente na Caatinga é quente e seco, com índices pluviométricos muito baixos, em torno de 250 a 900 mm anuais, o que proporciona uma fisionomia desértica no bioma. As áreas de planície estão sujeitas a um período de seca muito mais longa e severa que as áreas planálticas, período que dura aproximadamente sete meses, mas que às vezes pode chegar até doze meses. Não só a taxa de precipitação anual é mais baixa, como também as temperaturas são em geral mais altas. No entanto, estudos mostram que a Caatinga abriga espécies de animais e plantas adaptadas ao clima seco desse geoambiente (ALVES; ARAÚJO; NASCIMENTO, 2009).

Segundo Alves (2008), as planícies possuem solos do tipo latossolos, que são argilosos e minerais, com boa porosidade e rico em nutrientes. Já nos planaltos, os solos gerados a partir da decomposição do arenito são extremamente pobres em nutrientes e altamente ácidos, formando depósitos arenosos ou pedregosos rasos, que se tornam mais profundos onde a topografia permite, afloramentos rochosos é uma característica comum das áreas mais altas. Porém, estes afloramentos rochosos e os solos pouco profundos formam as condições ideais para os cactos, que crescem, em fissuras ou depressões da rocha onde a acumulação de areia, pedregulhos e outros detritos, juntamente com o húmus gerado pela decomposição de restos vegetais, sustentam o sistema radicular destas suculentas. Desse modo, percebe-se que a vegetação da Caatinga está adaptada as condições físicas e climáticas, como escassez de água e nutrientes, assim como as características dos tipos de solos presentes no bioma (ANDRADE-LIMA, 1981; ANDRADE-LIMA, 1989; ALVES, 2008).

A vegetação da Caatinga possui características bem estabelecidas: árvores baixas e arbustivas que, geralmente, perdem as suas folhas na estação seca (espécies caducifólias), além de muitas cactáceas. A Caatinga apresenta três categorias de plantas: arbóreo (8 a 12 metros), arbustivo (2 a 5 metros) e o herbáceo (abaixo de 2 metros). No entanto, é importante destacar que algumas espécies não perdem as suas folhas no período seco, entre elas destaca-se o juazeiro (*Zizyphus joazeiro*), uma das plantas mais típicas desse bioma. As espécies vegetais que habitam na Caatinga, geralmente, possuem folhas pequenas, que é uma adaptação para reduzir a transpiração. Além de cactáceas, como *Cereus* (mandacaru e facheiro) e *Pilocereus* (xiquexique), esse bioma também apresenta muitas leguminosas (mimosa, acácia, etc.) (ALVES, 2007).

Desse modo, Barbosa, Barbosa e Lima (2003) também defendem que as estratégias fenológicas vegetativas das plantas lenhosas da Caatinga estão mais adaptadas ao clima e à dependência da disponibilidade de água no solo durante a estação seca. Assim como, Alves (2008) também destaca as eficientes estratégias adaptativas da vegetação desse bioma em relação ao clima quente e seco, pois as espécies vegetais que habitam na Caatinga, são em geral, dotadas de folhas pequenas, uma adaptação para reduzir a transpiração.

Quanto a fauna, a Caatinga também apresenta uma grande biodiversidade, abrigando 178 espécies de mamíferos, 591 de aves, 177 de répteis, 79 espécies de anfíbios, 241 de peixes e 221 abelhas. Além disso, aproximadamente 27 milhões de pessoas vivem na região, a maioria carente e dependente dos recursos naturais do bioma para sobreviver (BRASIL, 2016). Desse modo, percebe-se, claramente, a importância da preservação desse bioma, uma vez que, ele relaciona-se direta ou indiretamente com uma ampla diversidade biológica existente nele.

2.2 Problemática na Caatinga: processo de desertificação

Atualmente, a Caatinga vem enfrentando um processo de desertificação muito intenso, que tem causado a diminuição de sua paisagem natural, prejudicando suas propriedades geológicas primárias devido ao manejo inadequado de técnicas no solo em atividades humanas (BRASIL, 2016). Estas ações antrópicas são relatadas em alguns estudos, por exemplo, Centurion, Cardoso e Natale (2001), observaram que o cultivo do solo com pastagem, cana-de-açúcar e milho, em ordem decrescente, causou a perda da qualidade física do solo. Do mesmo modo, Centurion, Beutler e Souza (2004), constataram que as formas de uso empregadas, com o cultivo de algodão e cana-de-açúcar, provocaram degradação nas propriedades físicas do solo em relação ao solo sob mata. Assim como, Shange et al. (2012)

também estudaram a diversidade microbiana em solos utilizados na agricultura e constataram que o manejo inadequado do solo nas práticas agrícolas prejudica a sua fertilidade.

Nesse sentido, Moreira et al. (2007) alerta para o processo de alteração sofrido pelo bioma Caatinga devido as ações antrópicas, como a substituição de espécies vegetais nativas por cultivos e pastagens e o desmatamento e as queimadas, que são práticas comuns no preparo da terra para a agropecuária, que, além de destruir a cobertura vegetal, prejudica a manutenção de populações da fauna silvestre, a qualidade da água e o equilíbrio do clima e do solo.

Dessa forma, percebe-se que o uso e o manejo inadequado dos solos são apontados como as principais causas de origem antrópica relacionadas com a desertificação. O extrativismo vegetal e mineral, assim como o superpastejo de ecossistemas nativos ou cultivados e o uso agrícola por culturas que expõem os solos aos agentes da erosão são as principais causas dos processos de desertificação (ACCIOLY, 2000). Além disso, é importante considerar também que, naturalmente, a degradação de solos ocorre devido às condições climáticas específicas do Semiárido. Precipitações pluviométricas intensas e alta taxa de evapotranspiração proporcionam grandes problemas como a perda de matéria orgânica do solo e sua salinização (OLIVEIRA et al., 2008).

No Estado do Ceará, assim como nos outros estados da região nordeste, também se verifica a forte predominância dos fatores antrópicos, que contribuem, de uma forma mais intensa para acelerar a deterioração da Caatinga (CEARÁ, 2010). Como exemplo dessas ações antrópicas no Ceará, pode-se citar a utilização intensiva de agrotóxicos na agricultura, que podem trazer grandes prejuízos aos solos e a vegetação da Caatinga. Pois a utilização desses pesticidas é uma característica bem comum nos produtores rurais da região cearense, seja nas grandes empresas agrícolas, seja na agricultura familiar (MILHOME et al., 2009; CASTRO; FERREIRA; MATTOS, 2011).

Entre as atividades humanas que também contribuem para acelerar o processo de desertificação, destacam-se: as queimadas, o desmatamento e as culturas irrigadas. Pois de acordo com Ceará (2010), os solos do nordeste estão sofrendo um forte processo de desertificação por causa da substituição da vegetação natural por culturas de plantio, que utilizam as queimadas. Já o desmatamento e as culturas irrigadas estão levando a salinização dos solos, aumentando ainda mais a evaporação da água contida neles e acelerando o processo de desertificação. Nesse sentido, percebe-se, nitidamente, que somente a presença da vegetação adaptada da Caatinga tem impedido a transformação do nordeste brasileiro em um enorme deserto (CEARÁ, 2010).

Diante desse contexto, destaca-se que a degradação ambiental, nas áreas sujeitas à aridez e à semiaridez, quando submetidos a práticas agrícolas inadequadas, gera o estabelecimento dos processos de desertificação. Nesses processos a formação de desertos inicia com as modificações na vegetação, relacionadas as ações antrópicas, ocasionando assim a dissipação da cobertura vegetal original, que conseqüentemente, diminui a disponibilidade de matéria orgânica. Em seguida, aparece a erosão do solo e a perda de fertilidade e composição edáfica (SÁ et al., 2013; TAVARES, 2014).

Assim, destaca-se que os estudos de metagenômica comparativa têm sido usados para comparar comunidades microbianas complexas, visando correlacionar variáveis ambientais com a estrutura e composição dessas comunidades; investigar o efeito de perturbações naturais e antropogênicas sobre um ecossistema específico e monitorar em escala espacial e/ou temporal as comunidades microbianas em ecossistemas dinâmicos.

É importante que os estudos sobre indicadores do processo de desertificação estejam entre as prioridades nas pesquisas para subsidiar a tomada de decisões na esfera político-administrativa, dando assim condições para se estabelecer prioridades de ações quanto às medidas de prevenção, reabilitação e recuperação de terras degradadas e definir novas linhas de pesquisa (ARAÚJO et al., 2002).

2.3 Diversidade microbiana no solo

Em meados da década de 90, pesquisadores como Pace (1997); Torsvik et al. (1998); Whitman; Coleman e Wiebe (1998) relataram que a maioria dos micro-organismos do solo não eram cultiváveis. Esse fato, estimulou o avanço das ferramentas moleculares, e conseqüentemente o desenvolvimento da metagenômica. A metagenômica trata-se de um conjunto de ferramentas moleculares que estuda o DNA total de uma mistura de populações microbianas não-cultiváveis de amostras ambientais (HANDELSMAN et al., 1998; HANDELSMAN, 2005).

Essas ferramentas revolucionaram a ecologia microbiana, possibilitando o estudo de micro-organismos não-cultiváveis de amostras ambientais, especialmente os solos, que em outros tempos não poderiam ser estudados, uma vez que, é difícil reproduzir por métodos tradicionais de cultivo as mesmas condições ambientais do ecossistema em que os micro-organismos estão inseridos (TORSVIK; GOKSØYR; DAAE, 1990; HANDELSMAN et al., 1998). A metagenômica é um meio de investigação sistemática que busca classificar e manipular o material genético de amostras ambientais através de bibliotecas e sequenciamento (ZEYAUULLAH et al., 2009).

Essas ferramentas também contribuem para aplicações biotecnológicas a partir da análise da diversidade taxonômica e funcional de genes de comunidades microbianas inteiras, revelando informações genéticas de enzimas em potencial, ligações existentes entre função e filogenia de exemplares não cultiváveis e perfis de estrutura e função de diversas comunidades microbianas (HANDELSMAN, 2004).

No estudo metagenômico, destacam-se as análises por filogenia, taxonomia e perfil funcional. A análise filogenética faz o estudo das relações evolutivas e de proximidade genética entre os micro-organismos, frequentemente, por meio do gene 16S rRNA (PACE; STAHL; OLSEN, 1985; FIERER et al., 2012; LANGILLE et al., 2013); a análise taxonômica possibilita o estudo da classificação dos táxons e composição da diversidade microbiana (LANGILLE et al., 2013) e a análise funcional proporciona o estudo de genes responsáveis por síntese de moléculas, como proteínas, entre outras (HANDELSMAN, 2004). Segundo Langille et al. (2013) para se conhecer a atividade metabólica, ou seja, o perfil funcional de comunidades microbianas é necessário identificar sua composição taxonômica, especialmente por sequenciamento. Nos estudos de ecologia microbiana de solos, verifica-se que existe uma enorme diversidade microbiana, estimando-se que um grama de solo pode abrigar até 10 bilhões de micro-organismos, possivelmente, milhares de diferentes espécies (ROSELLÓ-MORA; AMANN, 2001). Torsvik e Øvreås (2002) ainda constataram que menos de 1% dos micro-organismos do solo observados sob o microscópio são cultivados e identificados, assim, a grande maioria desses micróbios ainda são desconhecidos.

A diversidade microbiana apresenta grande complexidade e variabilidade em diferentes níveis de organização biológica. Ela envolve variabilidade genética dentro de táxons entre espécies; proximidade filogenética entre os micro-organismos; quantidade de micróbios existentes nos solos e abundância relativa de táxons e de grupos funcionais em comunidades microbianas (TORSVIK; ØVREÅS, 2002).

Vários estudos sobre a diversidade microbiana de solos têm relatado a dominância de bactérias em relação aos outros micro-organismos nos solos. Chelius e Triplett (2001) estudando arqueias e bactérias associadas a rizosfera de milho (*Zea mays L.*), verificaram uma alta diversidade de Bacteria obtendo-se 27 filos, com a dominância de abundância relativa dos filos Actinobacteria e Proteobacteria, em contrapartida a baixa diversidade de arqueias. Segundo Youssef e Elshahed (2009), os filos bacterianos Actinobacteria e Proteobacteria juntamente com Planctomycetes, Acidobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Cyanobacteria, Bacteroidetes e Verrucomicrobia estão entre os filos que possuem maior dominância em vários

tipos de solos no planeta, como: solos de florestas, terras agrícolas, pastos, entre outros.

Os micro-organismos exercem muitas funções importantes em diversos processos ecológicos, como decomposição de matéria orgânica (LEJON et al., 2005; GOULART, 2013); ciclagem de nutrientes e fertilidade dos solos (MARSCHNER; CROWLEY; YANG, 2004; BONONI, 2016); desenvolvimento da vegetação (DINESH et al., 2003; BULGARELLI et al., 2013), entre outros. Esses papéis desempenhados pelas comunidades microbianas são muito importantes para a manutenção do equilíbrio e desenvolvimento dos ecossistemas.

De acordo com Bulgarelli et al. (2013), as bactérias realizam funções no solo que contribuem para o desenvolvimento vegetal. Os papéis desempenhados pelas comunidades bacterianas ocorrem diretamente por meio da fixação biológica de nitrogênio, da produção de fitormônios e da solubilização de fosfatos e indiretamente através do aumento da resistência a estresses bióticos e abióticos e do controle biológico de fitopatógenos, entre outros. Desse modo, é importante destacar o potencial genético desses micro-organismos, por exemplo, os filos Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes e Proteobacteria que são relacionados com a promoção do desenvolvimento e crescimento de plantas (BULGARELLI et al., 2013).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

O presente trabalho tem como principal objetivo identificar a comunidade bacteriana presente em solos da Caatinga em uma área de reserva natural e uma área suscetível à desertificação, visando contribuir para o conhecimento da diversidade desse ambiente bem como avaliar possíveis alterações na estrutura e composição da diversidade microbiana.

3.2 Objetivos específicos

- a) Analisar os parâmetros químicos das amostras de solo coletadas;
- b) Caracterização taxonômica das bactérias nas duas áreas coletadas da Caatinga;
- c) Analisar o perfil funcional das comunidades presentes nas duas áreas coletadas da Caatinga.

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Descrição das áreas de estudo

As áreas de estudo foram selecionadas em relação ao seu *status* de interferência antrópica: uma área preservada e uma área em processo de desertificação. A área preservada está inserida na Reserva Particular do Patrimônio Natural da “Fazenda Não me Deixes”, situada no Município de Quixadá (Ceará), compreendendo 300 hectares e abrigando uma área da Caatinga arbórea e arbustiva (BRASIL, 2016). A reserva foi criada pela portaria nº 148/98 do Instituto Brasileiro do Meio Ambiente (IBAMA) em 5/11/1998. Essa área apresenta excelentes condições de conservação da vegetação (há cerca de 30 anos sem práticas agrícolas, pecuária extensiva e nenhuma extração de madeira), sendo usada para soltura de aves e animais nativos apreendidos pelo IBAMA em feiras e comércio irregular.

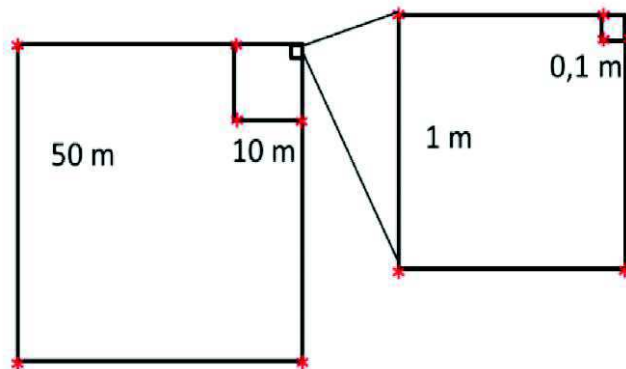
Já a área em processo de desertificação localiza-se no município de Irauçuba (Ceará), considerado um dos mais críticos em termos de desertificação do estado do Ceará. Além disso, a cidade apresenta um clima quente e semiárido e uma pluviometria anual muito baixa, com uma média histórica de 540 mm, devido ao fato desse município se localizar a sotavento da serra de Uruburetama, constituindo-se em uma “sombra de chuva”, causada pela interceptação pela serra dos ventos úmidos oriundos do oceano (ARAÚJO; SILVA, 2013). As atividades econômicas predominantes são a agricultura de subsistência e a pecuária com criação de gado, ovinos, caprinos e suínos (IBGE, 2010).

4.2 Amostragem e obtenção das sequências

Amostras de solos foram coletadas nas duas áreas seguindo as orientações conforme a figura 1, buscando obter uma cobertura significativa da diversidade microbiana das áreas de estudo. Ao todo foram coletadas 12 amostras em cada área, com profundidade de 20 cm, usando um amostrador cilíndrico de 10x30 cm.

Após a coleta, as amostras foram acondicionadas em sacos estéreis e transportadas em gelo, até o laboratório. No laboratório, após triagem para eliminação de pedras ou gravetos, as amostras foram submetidas para extração de DNA metagenômico. A extração e sequenciamento do DNA foram realizadas pelo Laboratório de Ecologia Microbiana e Biotecnologia usando a plataforma multiusuário *MySeq* (*Illumina*) da Universidade Federal do Ceará (UFC).

Figura 1 - Esquema de amostragem utilizado na coleta de amostras de solos em uma área de reserva nativa da Caatinga (RES) e uma área em desertificação (DES).



Fonte: Adaptado de Rodrigues et al. (2013).

4.3 Análise da composição química do solo

As amostras de solo foram submetidas para análise de pH, salinidade, e nutrientes relacionados com a fertilidade do solo, tais como P, K, Ca, Mg, Al, N, (C.O), para o Laboratório de Análise de Solo da Esalq (USP).

4.4 Análise taxonômica das sequências metagenômicas

As sequências metagenômicas obtidas foram anotadas usando o banco de dados biológicos M5NR para classificação taxonômica, disponível na plataforma MG-RAST (<http://metagenomics.anl.gov>), um site governamental que reúne vários bancos de armazenamento de dados microbianos de amostras ambientais (MEYER et al., 2008).

Ao todo foram analisadas 11 amostras da área de reserva e 12 amostras sob desertificação referente as triplicatas nas diferentes distâncias coletadas. As anotações foram realizadas usando os seguintes parâmetros: *e-Value* máximo de $1e-10$, uma identidade mínima de 60%, e um comprimento mínimo de 15 alinhamento medido em (aa) para a proteína e (pb) para bases de dados de RNA (MG-RAST, 2015).

Os dados foram analisados baseando-se na abundância relativa calculada a partir das médias das triplicatas (0,1; 1; 10 e 50 metros) das amostras, tornando as 23 amostras em apenas duas, denominadas de RES (área de reserva) e DES (área em desertificação).

4.5 Análise funcional das sequências metagenômicas

Para a análise funcional, as sequências metagenômicas foram anotadas usando o banco de dados biológicos *Subsystems* para reconstrução de vias metabólicas, utilizando a plataforma MG-RAST (<http://metagenomics.anl.gov>). Similarmente a classificação taxonômica, as amostras também foram analisadas como duas amostras, DES e RES representativas das 23 amostras coletadas. Os dados das sequências foram comparados com o Banco *Subsystems*, usando um *e-Value* máximo de $1e-10$, uma identidade mínima de 60%, e um comprimento

mínimo de 15 alinhamento medido em (aa) para a proteína e (pb) para bases de dados de RNA (MG-RAST, 2016).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Caracterização dos solos

Para avaliar alterações decorrentes do manejo e uso do solo devido as atividades desenvolvidas em DES, a composição de alguns componentes químicos do solo foi analisada e comparada com RES, buscando sinalizar o seu estado de degradação ambiental. Foram quantificados os valores de pH, conteúdos de matéria orgânica (M.O) e carbono orgânico (C.O) e alguns nutrientes relacionados com a fertilidade do solo (Tabela 1).

Tabela 1 - Caracterização química de solos proveniente de uma área preservada da Caatinga (RES) e uma sob desertificação (DES). Os resultados são mostrados pelo valor da média das triplicatas de diferentes distâncias (1, 10 e 50 metros).

Nutrientes	RES	DES
	Média/Desvio padrão	Média/Desvio padrão
pH (H ₂ O)	5,20±0,3269	5,20±0,2487
pH (KCl)	4,20±0,3536	4,40±0,2062
P (mg/Kg)	1,85±0,4153	35,50±0,5000
K (mmol/Kg)	1,70±0,0829	2,60±0,2586
Ca (mmol/Kg)	13,35±0,6500	48,25±0,2500
Mg (mmol/Kg)	4,60±0,3210	84,35±0,1500
Al (mmol/Kg)	2,50±0,500	1,50±0,4082
M.O (g/Kg)	13,95±0,6500	14,00±0,5000
C.O (g/Kg)	8,15±0,4500	8,25±0,2500
N (mg/Kg)	797,8±0,0220	1086,75±0,4725

Os resultados mostraram vários aspectos similares entre as duas regiões coletadas. De modo geral, os solos apresentam-se ácidos, com pHs variando entre 4,2-5,2 e concentrações relativamente similares com baixo teor de K, Al, especialmente M.O e C.O. Em geral, o solo do semiárido é raso, com localizados afloramentos de rocha e chão pedregoso, que é formado em decorrência da combinação desses elementos com um balanço hídrico negativo em grande parte do ano (ALVES, 2008; TRAVASSOS; SOUZA, 2011).

A região DES apresentou concentração mais elevada de P, Ca, Mg e N, indicando alterações na composição do solo, que podem estar relacionadas com a utilização de fertilizantes na agricultura ao longo dos anos (BRASIL, 2016). Esses nutrientes são utilizados para ajuste do pH e da fertilidade do solo para práticas agrícolas. É importante destacar que a região degradada praticamente não apresentava mais vegetação nativa, apresentando apenas poucos exemplares de cactáceas e arbustos espaçados (Figura 2).

Figura 2 – Área de estudo em degradação da Caatinga, localizada em Irauçuba no Estado do Ceará.



Segundo os estudos das características físico-químicas dos solos latossolos vermelhos de Carvalho Filho et al. (2009), a retirada da cobertura vegetal original para a implantação de culturas, aliada com prática de manejo inadequadas, ocasiona o rompimento do equilíbrio entre o solo e o meio, modificando suas propriedades físicas, químicas e biológicas, limitando assim sua utilização agrícola e tornando o solo mais suscetível à degradação e erosão hídrica.

No geral, é encontrado em áreas degradadas um aumento nos teores de alguns nutrientes em tempos de carência hídrica, como P (OLIVEIRA et al., 2008) e Mg (GALINDO et al., 2008). Desse modo, Santos et al. (2008), também observaram um aumento na disponibilidade de Ca em áreas degradadas, geralmente, em decorrência da disponibilização desse nutriente dos detritos em decomposição. Esse aumento de Ca também pode ocorrer em decorrência de perturbações nutricionais ocasionadas pela degradação, em que o ambiente apresenta uma rápida resposta a alterações hídricas no solo, além da ação severa da erosão hídrica que remove as camadas superficiais do solo, expondo a camada subsuperficial, mais rica em Ca.

O aumento de Ca, P e Mg, acompanhando a intensificação da degradação, pode ser explicado pela gradual exposição do solo pela erosão, expondo os horizontes mais próximos à rocha de origem, como também pelo efeito de uso prolongado de fertilizantes provocando uma saturação do solo por bases, como cálcio e magnésio, além de P (OLIVEIRA et al., 2008; GALINDO et al., 2008; TRAVASSOS; SOUZA, 2011).

De qualquer forma, a redução da fertilidade dos solos da Caatinga pode estar intrinsecamente relacionada com o seu nível de desmatamento e a retirada da sua vegetação nativa. O solo desnudo ou com uma cobertura deficiente está mais suscetível aos processos erosivos (TRAVASSOS; SOUZA, 2011).

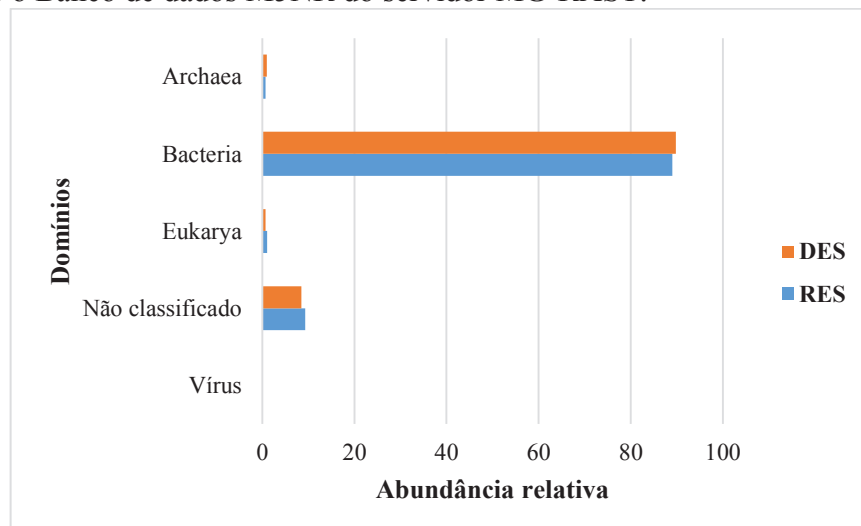
5.2 Caracterização taxonômica da diversidade microbiana

Para se estudar os possíveis efeitos sobre a diversidade microbiana em áreas preservadas da Caatinga e áreas desertificadas foi realizado um estudo metagenômico, usando sequenciamento direto do DNA pela plataforma do *Illumina MySeq*. No total, foram sequenciadas 11 amostras (1 replica da amostragem de 50 metros não foi exitosa) sendo 3 de cada distância (0,1; 1; 10 e 50). As sequências obtidas foram utilizadas para avaliar a diversidade microbiana presente nos solos das regiões estudadas.

Foram obtidas no total 2.097.935 sequências, distribuídas da seguinte forma: RES01 com 537.278; RES1 com 585.738; RES10 com 641.467 e RES50 com 297.452 (2 replicatas). As sequências apresentaram tamanho variando de 165 a 331 pares de bases (pb). Quanto as amostras de solo degradado foram obtidas no total 2.304.981 sequências, distribuídas em DES01 com 511.357; DES1 com 533.403; DES10 com 761.769 e DES50 com 498.492 apresentando um tamanho médio de variando de 177 a 313 pb.

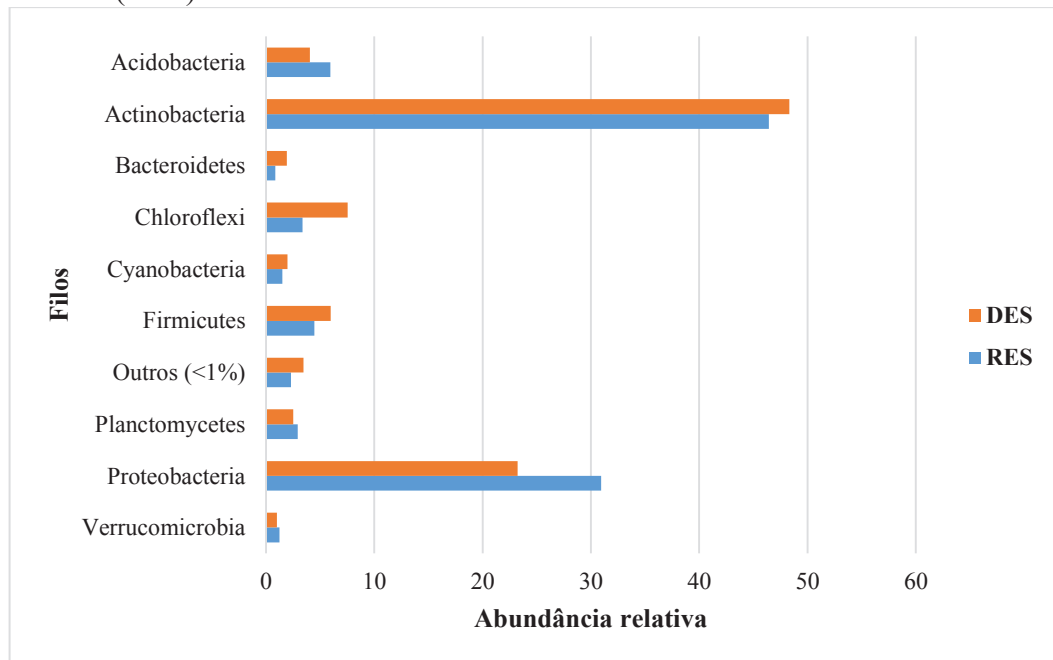
Quanto a classificação taxonômica, quase 90% do total das sequências foi classificada em algum Domínio da vida, fazendo que aproximadamente 10% das sequências ainda sejam desconhecidas. Isso implica que ainda existe um grande potencial de genes desconhecidos nesses sistemas biológicos, juntamente com a demanda existente nos bancos de dados biológicos. Do percentual classificado, houve uma dominância do Domínio Bacteria (89,01%-RES e 89,83%-DES). O percentual restante foi constituído por Archaea (0,68%-RES e 0,96%-DES), Eukarya (1,03%-RES e 0,7%-DES), Vírus (0,01%-RES e 0,01%-DES) e a categoria “Não classificado”, que representa sequências de algum organismo, mas que não foi possível anotar em nenhuma categoria taxonômica (Figura 3).

Figura 3 - Classificação taxonômica em nível de domínio de sequências metagenômicas obtidas de amostras de solo na área preservada (RES) e em área degradada (DES) da Caatinga, utilizando-se o Banco de dados M5NR do servidor MG-RAST.



Dentre os 27 filos bacterianos detectados, estão representados na figura 4 os mais abundantes. Apesar das similaridades encontradas entre os filos dominantes em ambas as áreas, foi observado uma redução de Proteobacteria e Acidobacteria e um aumento na abundância relativa de Bacteroidetes, Firmicutes e Chloroflexi em DES.

Figura 4 - Média da abundância relativa dos filos bacterianos dominantes (>1%), utilizando-se o Banco M5NR do servidor MG-RAST, encontrados nas áreas preservada (RES) e desertificadas (DES).



Segundo Youssef e Elshahed (2009), os filos Actinobacteria e Proteobacteria juntamente com Planctomycetes, Acidobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Cyanobacteria, Bacteroidetes e Verrucomicrobia estão entre os filos bacterianos dominantes em vários tipos de solos no planeta, como: solos de florestas, terras agrícolas, pastos, entre outros. Keshri, Mishra e Jha (2013) estudando a estrutura da comunidade microbiana em solo salino-alcálico, encontraram, de forma similar, a dominância dos filos Actinobacteria, Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi, Acidobacteria, Planctomycetes, Cyanobacteria e Verrucomicrobia no domínio Bacteria.

A dominância dos filos Actinobacteria e Proteobacteria também foi observada por Chelius e Triplett (2001) estudando micro-organismos em associação com as raízes de milho (*Zea mays L.*), dentre os 27 filos detectados. Da mesma forma, trabalhos referentes a Caatinga também encontraram a prevalência dos filos Actinobacteria e Proteobacteria. Taketani et al. (2015) avaliaram amostras de solo da rizosfera na região do semiárido do Brasil e Bononi (2016) estudaram o impacto da umidade do solo sobre a estrutura das comunidades bacterianas e sobre as atividades enzimáticas em solos da Caatinga e da Mata Atlântica.

Os filos Actinobacteria, Proteobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Acidobacteria, Planctomycetes, Cyanobacteria, Bacteroidetes e Verrucomicrobia possuem muitas funções importantes em diversos processos ecológicos nos ecossistemas.

Conforme Goulart (2013), Actinobactérias possuem forte atuação na decomposição de compostos orgânicos para a ciclagem dos nutrientes nos solos, que conseqüentemente, colabora para a melhoria da fertilidade do solo. De fato, os dados da análise físico-química da Tabela 1, nas áreas em estudo, apresentaram teor relativamente baixo de matéria orgânica, relacionando a dominância e a sua atividade na ciclagem de nutrientes.

Já o filo Proteobacteria apresenta uma vasta diversidade morfológica, fisiológica e metabólica, fazendo que este filo seja de grande importância para o funcionamento dos ciclos do Nitrogênio, Carbono e do Enxofre (KERSTERS et al., 2006; COELHO-SOUZA et al., 2015). De forma semelhante, o filo Firmicutes, funcionalmente, contribui para a execução dos processos biológicos de fixação de Nitrogênio e da assimilação de Enxofre nos solos (RIBOLDI; MATTOS; FRAZZON, 2013). Além disso, este filo também colabora para a fixação do Carbono no solo (JIANG, 2015).

O filo Cyanobacteria possui a importante função de realizar a Fotossíntese devido ao fato de suas bactérias serem produtores primários, que produzem energia para si e para as outras formas de vida. Destaca-se ainda que o acúmulo de matéria orgânica favorece o surgimento e desenvolvimento das cianobactérias (COELHO-SOUZA et al., 2015). Do mesmo modo, o filo Chloroflexi também se destaca por realizar o processo de Fotossíntese, sendo realizado através de bactérias fototróficas anoxigênicas filamentosas (HOHMANN-MARRIOTT; BLANKENSHIP, 2011).

Os filos Acidobacteria e Verrucomicrobia possuem a função de degradar substâncias orgânicas e húmicas e têm papel importante na ciclagem de Carbono e Nitrogênio nos solos (RODRIGUES, 2011). De forma semelhante, o filo Bacteroidetes possui o papel de degradar a matéria orgânica, contribuindo assim para a ciclagem de nutrientes no solo (CHAVÉZ-ROMERO et al., 2016). Por último destaca-se o filo Planctomycetes, que metabolicamente, contribui para o funcionamento do Ciclo do Nitrogênio através da via *anammox*, que consiste ao processo de oxidação anaeróbica do amônio a dinitrogênio utilizando-se o nitrito como elemento oxidante (SONTHIPHAND; HALL; NEUFELD, 2014).

O perfil taxonômico das classes bacterianas em RES e DES é mostrado na tabela 2. Verificou-se que o filo Actinobacteria apresentou apenas uma classe, esse fato deve-se a dificuldade de cultivar esses micro-organismos em laboratório. Do mesmo modo, o filo

Planctomycetes não apresentou variação de classe, sendo constituído somente pela classe Planctomycetia, esses micro-organismos, através da ação da enzima nitrito redutase, colabora para a execução do ciclo do nitrogênio nos solos, que por sua vez, contribui para o melhoramento da fertilidade nos ambientes edáficos (JIANG, 2016).

Já o filo Proteobacteria, um dos maiores e mais diversificados do planeta, frequentemente dominante em vários solos (JANSSEN, 2006; SPAIN; KRUMHOLZ; ELSHAHED, 2009), apresentou maior abundância relativa de Alphaproteobacteria (63,63%-RES e 52,85%-DES), seguidas por Betaproteobacteria (14,97%-RES e 16,60%-DES), Deltaproteobacteria (11,43%-RES e 17,93%-DES) e Gammaproteobacteria (9,54%-RES e 12,01%-DES) (Tabela 2). Alphaproteobacteria possui representantes que executam processo de fixação do nitrogênio no solo, favorecendo a fertilidade edáfica (PISA et al., 2011) e realizam a degradação de contaminantes como os hidrocarbonetos alifáticos e aromáticos (MILITON et al., 2010; AN et al., 2013) e inseticidas clorpirifós (JABEEN; IQBAL; ANWAR, 2015), colaborando assim para a biorremediação dos ecossistemas contaminados por estes poluentes. Já as classes Beta, Delta e Gammaproteobacteria possuem membros que atuam nos processos de nitrificação e de desnitrificação, que são importantes para o funcionamento do Ciclo do Nitrogênio (COELHO-SOUZA et al., 2015), estes membros também são dominantes nos ciclos de enxofre e conseqüentemente do ferro no solo.

No filo Firmicutes as classes dominantes foram Bacilli (51,86%-RES e 48,28%-DES) e Clostridia (45,26%-RES e 49,02%-DES) (Tabela 2). A classe Bacilli apresenta representantes que, funcionalmente, contribuem para o funcionamento do Ciclo do Nitrogênio. De modo semelhante, a classe Clostridia possui membros que colaboram, metabolicamente, para a execução dos Ciclos do Nitrogênio, do Enxofre e do Carbono (JIANG, 2015).

Já no filo Acidobacteria as classes dominantes foram Solibacteres (41,47%-RES e 51,23%-DES), Acidobacteria (classe) (24,42%-RES e 18,80%-DES) e Não classificado (34,10%-RES e 29,97%-DES) (Tabela 2). De forma similar, as pesquisas de Bononi (2016) sobre o impacto da umidade do solo sobre a estrutura das comunidades bacterianas e sobre as atividades enzimáticas em solos da Caatinga e da Mata Atlântica, apresentou a dominância das classes Solibacteres e Acidobacteria (class) no filo Acidobacteria. A classe Solibacteres é constituída de membros que funcionalmente contribuem para o processo de nitrificação, que por sua vez é importante para o ciclo do Nitrogênio (BAL KRISHNA; SATHASIVAN; GINIGE, 2013). Já a classe Acidobacteria (Classe) possui representantes que colaboram para o funcionamento dos ciclos biogeoquímicos do Nitrogênio, do Carbono e do Enxofre (MOREIRA, 2013).

Bacteroidetes apresentou uma abundância relativa muito similar entre as suas classes Cytophagia (26,44%-RES e 25,09%-DES), Sphingobacteriia (20,90%-RES e 28,57%-DES), Não classificado (21,62%-RES e 16,35%-DES), Flavobacteriia (17,49%-RES e 18,76%-DES) e Bacteroidia (13,54%-RES e 11,22%-DES) (Tabela 2). Saul-Tcherkas, Unc e Steinberger (2013) estudando a diversidade microbiana do solo em imediações e arbustos do deserto, também verificou a prevalência das classes Cytophagia, Flavobacteriia, Sphingobacteriia e Bacteroidia. Esse fato deve ser melhor avaliado para verificar as características comuns entre os solos do deserto que favoreçam a dominância de tais organismos. Destaca-se ainda a classe Flavobacteriia que possui a função de degradação de matéria orgânica, inclusive de decompor compostos orgânicos contaminantes no solo (CHATURVEDI; PRAKASH; AWASTHI, 2016). A classe Cytophagia possui enzimas relacionadas ao metabolismo de carboidratos (CAZymes) que realizam diversas funções importantes para o equilíbrio e desenvolvimento de um biossistema (LOMBARD et al., 2014; ANDRADE, 2015). Já a classe Bacteroidia colabora, funcionalmente, para o processo de fixação de carbono no solo, o qual é importante para o funcionamento do ciclo do carbono e contribui para a execução do metabolismo de enxofre nos solos (JIANG, 2015).

Por último, destaca-se o filo Verrucomicrobia, que apresentou as classes: Verrucomicrobiae (43,72%-RES e 39,79%-DES), Spartobacteria (32,63%-RES e 32,28%-DES) e Opitutae (17,98%-RES e 21,71%-DES) (Tabela 2). De forma similar, as pesquisas de Lima (2011) sobre a diversidade de Bacteria e Archaea em solos de Mata Atlântica no Estado de São Paulo, apresentou a prevalência as classes Spartobacteria, Opitutae e Verrucomicrobiae no filo Verrucomicrobia. As classes Verrucomicrobiae e Opitutae possuem representantes que através da ação da enzima dinitrogenase reductase ADP-ribosil transferase (DraT) contribuem para o processo de fixação do nitrogênio, o qual é importante para a execução do ciclo do nitrogênio. É necessário destacar que os homólogos a enzima DraT estão restritos a poucos organismos fixadores de nitrogênio (COSTA, 2015). Já a classe Spartobacteria contribui metabolicamente para a disponibilização de carbono no solo, o qual é importante para a melhoria da fertilidade edáfica (ABUJABHAH et al., 2016).

Tabela 2 - Média da abundância relativa das principais classes bacterianas (>1%), utilizando-se o Banco M5NR do servidor MG-RAST, obtidas da área preservada (RES) e sob desertificação (DES).

Filos	Classes	RES	DES
		Média/Desvio Padrão	Média/Desvio Padrão
Acidobacteria	Acidobacteriia	24,42±0,04	18,80±0,01
	Solibacteres	41,47±0,01	51,23±0,02
	Não classificado	34,10±0,03	29,97±0,02
Bacteroidetes	Bacteroidia	13,54±0,003	11,22±0,01
	Cytophagia	26,44±0,01	25,09±0,01
	Flavobacteriia	17,49±0,01	18,76±0,009
	Sphingobacteriia	20,90±0,02	28,57±0,03
	Não classificado	21,62±0,02	16,35±0,03
Chloroflexi	Anaerolineae	1,65±0,003	1,84±0,008
	Chloroflexi	29,64±0,01	27,90±0,07
	Dehalococcoidetes	2,79±0,002	2,36±0,003
	Ktedonobacteria	45,66±0,03	46,06±0,13
	Thermomicrobia	27,58±0,14	21,75±0,04
Cyanobacteria	Gloeobacteria	14,41±0,01	12,23±0,006
	Não classificado	86,41±0,01	87,77±0,006
Firmicutes	Bacilli	51,86±0,06	48,28±0,07
	Clostridia	45,26±0,06	49,02±0,06
	Negativicutes	1,90±0,006	2,40±0,003
Proteobacteria	Alphaproteobacteria	63,63±0,01	62,85±0,03
	Betaproteobacteria	14,97±0,003	16,60±0,004
	Deltaproteobacteria	11,43±0,01	17,93±0,02
	Gammaproteobacteria	9,54±0,003	12,01±0,006
Verrucomicrobia	Opitutae	17,98±0,009	21,71±0,02
	Spartobacteria	32,63±0,02	32,28±0,01
	Verrucomicrobiae	43,72±0,02	39,79±0,01
	Não classificado	5,67±0,004	6,22±0,007

Em relação ao perfil taxonômico das ordens bacterianas (Tabela 3), obteve-se a dominância de abundância de relativa das ordens: Actinomycetales e Solirubrobacterales de Actinobacteria; Rhizobiales de Alphaproteobacteria; Burkholderiales de Betaproteobacteria; Myxococcales e Desulfuromonadales de Deltaproteobacteria e várias ordens em Gammaproteobacteria como Alteromonadales, Chromatiales, Enterobacteriales, Pseudomonadales e Xanthomonadales.

Tabela 3 - Média da abundância relativa das principais ordens bacterianas (>1%), utilizando-se o Banco M5NR do servidor MG-RAST, obtidas da área preservada (RES) e sob desertificação (DES).

Classe	Ordens	RES	DES
		Média/Desvio Padrão	Média/Desvio Padrão
Actinobacteria (Classe)	Actinomycetales	77,58±0,01	79,57±0,03
	Rubrobacterales	2,74±0,005	5,47±0,01
	Solirubrobacterales	18,61±0,005	14,09±0,01
Alphaproteobacteria	Caulobacterales	2,94±0,004	3,53±0,003
	Rhizobiales	71,54±0,02	58,83±0,01
	Rhodobacterales	6,06±0,001	7,88±0,005
	Rhodospirillales	13,06±0,01	16,58±0,02
	Sphingomonadales	4,29±0,007	10,78±0,01
	Não classificado	1,81±0,001	1,97±0,003
Betaproteobacteria	Burkholderiales	82,19±0,005	78,00±0,01
	Methylophilales	1,75±0,001	2,07±0,003
	Neisseriales	2,74±0,001	3,46±0,003
	Nitrosomonadales	3,90±0,004	5,08±0,002
	Rhodocyclales	6,69±0,001	7,78±0,006
	Não classificado	1,01±0,002	1,21±0,0008
Deltaproteobacteria	Bdellovibrionales	1,30±0,001	1,41±0,00
	Desulfobacterales	3,88±0,004	4,09±0,002
	Desulfovibrionales	7,26±0,003	6,91±0,005
	Desulfuromonadales	18,29±0,006	19,16±0,01
	Myxococcales	60,57±0,005	60,02±0,01
	Syntrophobacterales	6,54±0,008	6,33±0,002
	Não classificado	1,48±0,001	1,36±0,001
Gammaproteobacteria	Acidithiobacillales	2,19±0,003	1,95±0,002
	Aeromonadales	1,22±0,001	1,36±0,001
	Alteromonadales	10,01±0,005	9,43±0,009
	Chromatiales	17,25±0,005	18,02±0,007
	Enterobacterales	12,82±0,01	11,94±0,008
	Legionellales	3,13±0,002	2,78±0,001
	Methylococcales	4,26±0,002	4,16±0,001
	Oceanospirillales	6,02±0,003	5,79±0,003
	Pasteurellales	1,16±0,001	1,39±0,003
	Pseudomonadales	21,75±0,008	20,15±0,01
	Thiotrichales	1,64±0,002	1,79±0,001
	Vibrionales	2,82±0,004	2,85±0,003
	Xanthomonadales	10,46±0,008	14,26±0,02
Não classificado	5,04±0,005	3,91±0,004	

Na classe Alphaproteobacteria verificou-se que a ordem Rhizobiales foi dominante com muito destaque, no entanto apresentando uma redução significativa em DES (71,54%-RES e

58,83%-DES). Esses organismos são fixadores de Nitrogênio (*Rhizobium*, *Sinorhizobium*, *Bradyrhizobium* e *Mesorhizobium*), muitas vezes associados a raízes de plantas, e contribuem funcionalmente para a biodisponibilização do azoto no solo (SOUZA et al., 2013). Essa redução pode estar associada a redução significativa de plantas na região degradada.

A ordem Burkholderiales, pertencente a Betaproteobacteria, foi muito predominante (82,19%-RES e 78,00%-DES) em relação as demais ordens. De forma similar, os estudos metagenômicos de Souza et al. (2013) sobre a comunidade microbiana em solos de preparo convencional e plantio direto, também apresentou a grande dominância da ordem Burkholderiales. Esses micro-organismos contribui funcionalmente para o processo de fixação do nitrogênio no solo (TU et al., 2015); além de realizar a degradação de hidrocarbonetos nos ecossistemas (AN et al., 2013).

A predominância as ordens Myxococcales e Desulfovibrionales (7,26%-RES e 6,91%-DES) e demais bactérias redutoras de sulfato (SRB) em ambas as áreas de estudo, podem estar relacionadas com a degradação de matéria orgânica no solo, funcionamento dos ciclos do carbono e do enxofre (SCHNEIDER, 2013); degradação de contaminantes do solo (ABBASIAN et al., 2016); degradação de hidrocarbonetos metanogênicos nos solos, possibilitando assim a descontaminação e recuperação dos ambientes edáficos (AN et al., 2013).

Por último, destacam-se as ordens Pseudomonadales (21,75%-RES e 20,15%-DES), Chromatiales (17,25%-RES e 18,02%-DES), Enterobacteriales (12,82%-RES e 11,94%-DES), Xanthomonadales (10,46%-RES e 14,26%-DES) e Alteromonadales (10,01%-RES e 9,43%-DES) (Tabela 4). As ordens Pseudomonadales e Xanthomonadales, funcionalmente, executam o processo de biodisponibilização de Fósforo no solo, o qual é importante para a fertilidade edáfica (RAGOT; KERTESZ; BÜNEMANN, 2015), e pela natureza pobre em nutrientes nos solos áridos, pode estar relacionado com sua dominância nesses solos. Assim como a presença de Enterobacteriales que além de fixar nitrogênio, produzem hormônios de crescimento, importantes para o crescimento vegetal (LI et al., 2015). Chromatiales e Alteromonadales executam a função de degradar os hidrocarbonetos alifáticos no solo, auxiliando na recuperação de ambientes contaminados (ABBASIAN et al., 2016).

5.3 Diversidade Funcional

A análise funcional dos metagenomas está representado na figura 5. Não foram encontradas diferenças significativas entre as duas áreas estudadas, mesmo os metabolismos relacionados com ciclagem de nutrientes ou fertilidade no solo Metabolismo de Nitrogênio

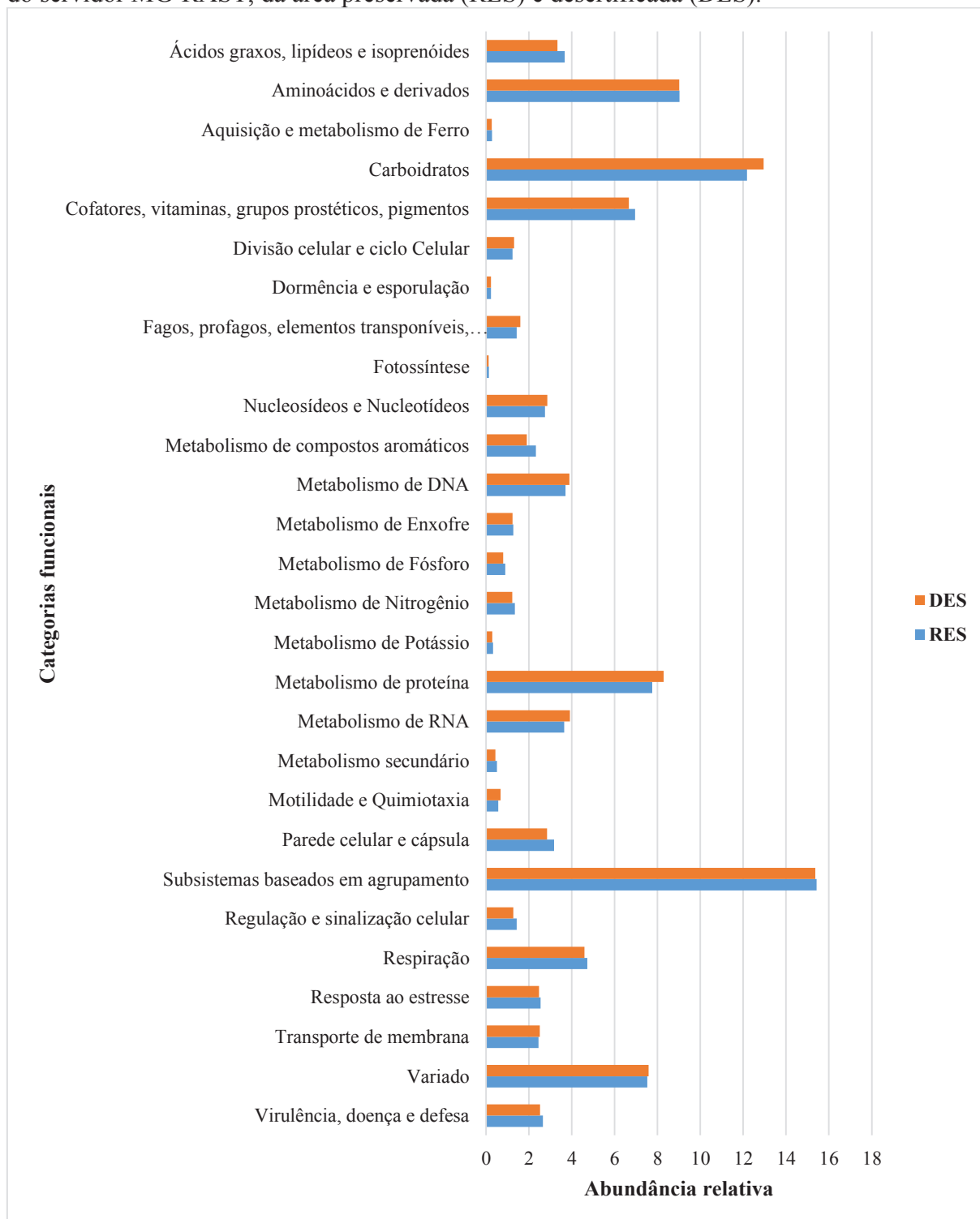
(1,34%-RES e 1,22%-DES), Metabolismo de Enxofre (1,27%-RES e 1,23%-DES), Metabolismo de Fósforo (0,89%-RES e 0,80%-DES), Metabolismo de Potássio (0,32%-RES e 0,29%-DES) e Aquisição e metabolismo de Ferro (0,27%-RES e 0,26%-DES) e resposta ao stress (2,54%-RES e 2,47%-DES) (Figura 5). As categorias dominantes estão relacionadas com vias metabólicas para genes constitutivos dos organismos presentes em qualquer ambiente, como metabolismo de carboidratos (12,18%-RES e 12,95%-DES), aminoácidos (9,02%-RES e 9,01%-DES) e proteínas (7,92%-RES e 8,05%-DES). Essa semelhança infere que provavelmente existe um “*pool* de funções” similares nesses ecossistemas, indicando que investigações funcionais de comunidades microbianas, com base em DNA, de habitats próximos podem de certa forma, apresentar padrões globais semelhantes.

Os subsistemas baseados em agrupamentos apresentam essa denominação pelo fato de apresentar genes que são encontrados próximos uns dos outros no genoma de diversos táxons, mas maioria de suas funções em as vias metabólicas ainda são desconhecidas (ANDRADE, 2015).

A prevalência da categoria funcional Subsistemas baseados em agrupamentos nos metagenomas revela a falta de conhecimento que ainda existe sobre a função de uma grande parte do proteoma microbiano, e reforça a ideia de que há uma boa chance de encontrar novas atividades por triagem funcional desta biblioteca (LÓPEZ-LÓPEZ et al., 2015). Em geral, esta categoria é a mais abundante nos estudos de metagenômica funcional (DELMONT, et al., 2012).

Apesar de não ter sido encontrado diferenças no perfil funcional entre os dois metagenomas estudados, análises mais detalhadas em níveis mais específicos é necessária, assim como testes estatísticos para afirmar que não houve alteração nas funções nas duas áreas estudadas. Além disso, análises correlativas entre os genes relacionados à manutenção do sistema e os grupos encontrados são importantes para avaliar o papel funcional de cada grupo microbiano.

Figura 5 - Perfil funcional no nível 1 dos metagenomas obtidos a partir do Banco *Subsystems* do servidor MG-RAST, da área preservada (RES) e desertificada (DES).



6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esse trabalho mostra que, na composição química dos solos, houve uma maior concentração de alguns íons na área degradada (DES), que pode estar relacionado ao uso inadequado do solo nas práticas agrícolas.

Taxonomicamente, mostrou-se a presença de uma grande riqueza de filos bacterianos, cerca de 27 filos, que seriam difíceis de serem detectados por ferramentas tradicionais. Contudo, foi detectada a dominância de poucos filos como, Actinobacteria, Proteobacteria, Firmicutes, Chloroflexi, Planctomycetes, Cyanobacteria e Bacteroidetes. Porém, não foi observado alterações significativas na composição bacteriana nos níveis taxonômicos estudados em RES e DES. De forma semelhante, no perfil funcional, também não foi detectado uma redução aparente na sua diversidade e nem alterações nos genes funcionais em RES e DES.

Assim, pode-se inferir que os impactos sofridos na área degradada ainda não foram suficientes para alterar a diversidade microbiana do solo, contudo, análises mais finas devem ser feitas tanto em níveis taxonômicos quanto em genes funcionais aliados com ferramentas estatísticas para validar os resultados encontrados. Mas, vale ressaltar que esse estudo traz valiosas informações tanto da diversidade taxonômica e funcional desse bioma que servirá de base para nortear futuros estudos ecológicos e de prospecção biotecnológicas.

Desse modo, esse trabalho defende a importância da preservação ambiental da Caatinga, que tem enfrentado um forte processo de desertificação, intensificado principalmente pelas ações antrópicas, que podem ser exemplificadas por derrubada de árvores, queimadas, uso inadequado do solo, dentre outras.

Por último, destaca-se que é importante conhecer a diversidade microbiana da Caatinga para que seja possível conhecer o perfil funcional da microbiota desse bioma, visando utilizar esse potencial funcional em aplicações biotecnológicas a partir de genes bacterianos.

REFERÊNCIAS

- ABBASIAN, F.; PALANISAMI, T.; MEGHARAJ, M.; NAIDU, R.; LOCKINGTON, R.; RAMADASS, K. Microbial diversity and hydrocarbon degrading gene capacity of a crude oil field soil as determined by metagenomics analysis. **Biotechnology Progress**, v. 32, n. 3, p. 638-648, 2016.
- ABUJABHAH, I. S.; BOUND, S. A.; DOYLE, R.; BOWMAN, J. P. Effects of biochar and compost amendments on soil physico-chemical properties and the total community within a temperate agricultural soil. **Applied Soil Ecology**, v. 98, n. 1, p. 243-253, 2016.
- ACCIOLY, L. J. O. Degradação do solo e desertificação no Nordeste do Brasil. **B. Inf. SBCS**, v. 25, n. 1, p. 23-25, 2000.
- ALVES, Jose Jakson Amancio. Geocologia da caatinga no semi-árido do Nordeste brasileiro. **Revista Climatologia e Estudos da Paisagem**, Rio Claro, v. 2, n. 1, p. 58-71, 2007.
- _____. **Bio_geografia**. João Pessoa: Ed. Fotograf. 2008, 108 p.
- ALVES, J. J. A.; ARAÚJO, M. A.; NASCIMENTO, S. S. Degradação da caatinga: uma investigação ecogeográfica. **Caatinga**, Mossoró, Brasil, v. 22, n. 3, p. 126-135, julho/setembro, 2009.
- AN, D.; CAFFREY, S. M.; SOH, J.; AGRAWAL, A.; BROWN, D.; BUDWILL, K.; DONG, X.; DUNFIELD, P. F.; FOGHT, J.; GIEG, L. M.; HALLAM, S. J.; HANSON, N. W.; HE, Z.; JACK, T. R.; KLASSEN, J.; KONWAR, K. M.; KUATSJAH, E.; LI, C.; LARTER, S.; LEOPATRA, V.; NESBØ, C. L.; OLDENBURG, T.; PAGE, A. P.; RAMOS-PADRON, E.; ROCHMAN, F. F.; SAIDI-MEHRABAD, A.; SENSEN, C. W.; SIPAHIMALANI, P.; SONG, Y. C.; WILSON, S.; WOLBRING, G.; WONG, M. L.; VOORDOUW, G. Metagenomics of hydrocarbon resource environments indicates aerobic taxa and genes to be unexpectedly common. **Environ. Sci. Technol.**, v. 47, n. 18, p. 10708-10717, 2013.
- AN, D.; BROWN, D.; CHATTERJEE, I.; DONG, X.; RAMOS-PADRON, E.; WILSON, S.; BORDENAVE, S.; CAFFREY, S. M.; GIEG, L. M.; SENSEN, C. W.; VOORDOUW, G. Microbial community and potential functional gene diversity involved in anaerobic hydrocarbon degradation and methanogenesis in an oil sands tailings pond. **Genome**, v. 56, n. 10, p. 612-618, 2013.
- ANDRADE, Ana Camila Mendes. **Metagenômica comparativa de amostras de solo e de água do bioma Caatinga para bioprospecção de enzimas relacionadas ao metabolismo de carboidratos (CAZymes)**. 2015. 109 f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia). - Instituto de Ciências da Saúde, Universidade Federal da Bahia, Salvador, 2015.

ANDRADE-LIMA, D. The caatinga dominium. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 4, n. 1, p. 149-153, 1981.

_____. **Plantas das caatingas**. Rio de Janeiro: Academia Brasileira de Ciências, 1989, 243 p.

ARAÚJO FILHO, J. A.; SILVA, N. L. Impactos e mitigação do antropismo no núcleo de desertificação em Irauçuba. In: OLIVEIRA, J. G. B.; SALES, M. C. L. (Org.). **Monitorando a desertificação em Irauçuba: resultados de doze anos de pesquisa**. Fortaleza: Edições UFC, 2013.

ARAÚJO, Ademir Sérgio Ferreira de; MONTEIRO, Regina Teresa Rosim. Indicadores biológicos de qualidade do solo. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 23, n. 3, p. 66-75, July/Sept. 2007.

ARAÚJO, A.; SANTOS, M. F. A.; MEUNIER, I.; RODAL, M. J. Desertificação e seca: Contribuição da ciência e tecnologia para a sustentabilidade do Semi-árido do Nordeste do Brasil. Recife: Gráfica e Editora do Nordeste, 2002, 63 p.

BAL KRISHNA, K. C.; SATHASIVAN, A.; GINIGE, M. P. Microbial community changes with decaying chloramine residuals in a lab-scale system. **Water Research**, v. 47, n. 13, p. 4666-4679, 2013.

BARBOSA, D. C. A.; BARBOSA, M. C. A.; LIMA, L. C. M. Fenologia de espécies lenhosas da Caatinga. In: LEAL, Inara Roberta, TABARELLI, Marcelo; SILVA, José Maria Cardoso da. (Org.). **Ecologia e conservação da caatinga**. Recife: Ed. Universitária da UFPE, 2003, cap. 16, p. 657-693.

BONONI, Laura. **Impacto da umidade do solo sobre a estrutura das comunidades bacterianas e sobre as atividades enzimáticas em solos da Caatinga e da Mata Atlântica**. 2016. 83 f. Dissertação (Mestrado em Microbiologia Agrícola). - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.

BRASIL. Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade. 2016. **RPPN Não me Deixes**. Disponível em: <<http://www.icmbio.gov.br/portal/biodiversidade/unidades-de-conservacao/biomas-brasileiros/caatinga/unidades-de-conservacao-caatinga/5415-rppn-nao-me-deixes.html>>. Acesso em: 02 ago. 2016.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. 2016. **Caatinga**. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/biomas/caatinga>>. Acesso em: 02 ago. 2016.

BULGARELLI, D.; SCHLAEPPI, K.; SPAEPEN, S.; VAN THEMAAT, E. V. L.; SCHULZE-LEFERT, P. Structure and functions of the bacterial microbiota of plants. **Annual Review of Plant Biology**, v. 64, n. 1, p. 807-838, 2013.

- CARVALHO FILHO, A.; CARVALHO, L. C. C.; CENTURION, J. F.; BEUTLER, A. N.; CORTEZ, J. W.; RIBON, A. A. Qualidade física de um latossolo vermelho férrico sob sistemas de uso e manejo. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 25, n. 6, p. 43-51, Nov./Dec. 2009.
- CASTRO, M. G. G. M.; FERREIRA, A. P.; MATTOS, I. E. Uso de agrotóxicos em assentamentos de reforma agrária no Município de Russas (Ceará, Brasil): um estudo de caso. **Epidemiol. Serv. Saúde**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 245-254, abr-jun, 2011.
- CEARÁ. Secretaria dos Recursos Hídricos. **Recuperação de áreas degradadas no semiárido do Ceará**. Fortaleza, 2010, 30 p.
- CENTURION, J. F.; BEUTLER, A. N.; SOUZA, Z. M. Physical attributes of kaolinitic and oxidic oxisols resulting from different usage systems. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 47, n. 5, p. 725-732, 2004.
- CENTURION, J. F.; CARDOSO, J. P.; NATALE, W. Efeito de formas de manejo em algumas propriedades físicas e químicas de um Latossolo Vermelho em diferentes agroecossistemas. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 5, n. 2, p. 254-258, 2001.
- CHATURVEDI, R.; PRAKASH, J.; AWASTHI, G. Microbial bioremediation: an advanced approach for waste management. **IJETSR**, v. 3, n. 5, p. 50-62, 2016.
- CHÁVEZ-ROMERO, Y.; NAVARRO-NOYA, Y. E.; REYNOSO-MARTÍNEZ, S. C.; SARRIA-GUZMÁN, Y.; GOVAERTS, B.; VERHULST, N.; DENDOOVEN, L.; LUNAGUIDO, M. 16S metagenomics reveals changes in the soil bacterial community driven by soil organic C, N-fertilizer and tillage-crop residue management. **Soil & Tillage Research**, v. 159, n. 1, p. 1-8, 2016.
- CHELIUS, M. K.; TRIPLETT, E. W. The diversity of archaea and bacteria in association with the roots of *Zea mays L.* **Microb Ecol**, v. 41, n. 3, p. 252-263, 2001.
- COELHO-SOUZA, S. A.; ARAÚJO, F. V.; CURY, J. C.; JESUS, H. E.; PEREIRA, G. C.; GUIMARÃES, J. R. D.; PEIXOTO, R. S.; DÁVILA, A. M. R.; ROSADO, A. S. Bacterial and archaeal communities variability associated with upwelling and anthropogenic pressures in the protection area of Arraial do Cabo (Cabo Frio Region - RJ). **An Acad Bras Cienc**, v. 87, n. 3, p. 1737-1750, 2015.
- COSTA, Flávia de Fátima. **Identificação de homólogos e análise de vizinhança dos genes draTG envolvidos na regulação da Fixação Biológica de Nitrogênio**. 2015. XX f. Dissertação (Mestrado em Bioinformática). - Setor de Educação Profissional e Tecnológica, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2015.

- DE MANDAL, S.; ZOTHANSANGA, A. K. P.; BISHT, S. S.; SENTHIL KUMAR, N. First report of bacterial community from a Bat Guano using *Illumina* next-generation sequencing. **Genomics Data**, v. 4, n. 1, p. 99-101, 2015.
- DELMONT, T. O.; PRESTAT, E.; KEEGAN, K. P.; FAUBLADIER, M.; ROBE, P.; CLARK, I. M.; PELLETIER, E.; HIRSCH, P. R.; MEYER, F.; GILBERT, J. A.; LE PASLIER, D.; SIMONET, P.; VOGEL, T. M. Structure, fluctuation and magnitude of a natural grassland soil metagenome. **ISME J.**, v. 6, n. 9, p. 1677-1687, 2012.
- DINESH, R.; CHAUDHURI, S. G.; GANESHAMURTHY, A. N.; DEY, C. Changes in soil microbial indices and their relationships following deforestation and cultivation in wet tropical forests. **Applied Soil Ecology**, v. 24, n. 1, p. 17-26, sept. 2003.
- FIERER, N.; LAUBER, C. L.; RAMIREZ, K. S.; ZANEVELD, J.; BRADFORD, M. A.; KNIGHT, R. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients. **The ISME Journal**, v. 6, n. 5, p. 1007-1017, may, 2012.
- GALINDO, I. C. L.; RIBEIRO, M. R.; SANTOS, M. F. A. V.; LIMA, J. F. W. F.; FERREIRA, R. F. A. L. Relações solo-vegetação em áreas sob processo de desertificação no município de Jataúba, PE. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 32, n. 3, p. 1283-1296, 2008.
- GOULART, Karla Cristina Stropa. **Perfil metagenômico de solo sob cultivo de cana-de-açúcar com perspectivas na produção de bioenergia**. 2013. 101 f. Tese (Doutorado em Microbiologia Agropecuária). - Campus de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo, 2013.
- HOHMANN-MARRIOTT, M. F.; BLANKENSHIP, R. E. Evolution of photosynthesis. **Annu Rev Plant Biol.**, v. 62, n. 1, p. 515-548, 2011.
- HANDELSMAN, Jo. Metagenomics or Megagenomics? **Nature Reviews Microbiology**, v. 3, n. 1, p. 457-458, june, 2005.
- _____. Metagenomics: Application of Genomics to Uncultured Microorganisms. **Microbiol Mol Biol Rev**, v. 68, n. 4, p. 669-685, dec. 2004.
- HANDELSMAN, J.; RONDON, M. R.; BRADY, S. F.; CLARDY, J.; GOODMAN, R. M. Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products. **Chemistry & Biology**, v. 5, n. 10, p. 245-249, oct. 1998.
- IBAMA. **Portaria N° 148/98 de 05 de novembro de 1998**. Estabelece a criação da Reserva Particular do Patrimônio Natural Fazenda Não Me Deixes.

- IBGE. 2010. Instituto Brasileiro de Geografia Estatística. **Irauçuba**. Disponível em: <<http://cidades.ibge.gov.br/xtras/perfil.php?lang=&codmun=230610&search=ceara|iraucuba|nfograficos:-informacoes-completas>>. Acesso em: 02 ago. 2016.
- JABEEN, H.; IQBAL, S.; ANWAR, S. Biodegradation of chlorpyrifos and 3, 5, 6-trichloro-2-pyridinol by a novel rhizobial strain *Mesorhizobium* sp. HN3. **Water and Environment Journal**, v. 29, n. 1, p. 151-160, 2015.
- JANSSEN, P. H. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 72, n. 3, p. 1719-1728, 2006.
- JIANG, Xiaoben. **The impact of temperature, pH and environmental heterogeneity on prokaryotic diversity in Yellowstone National Park thermal springs**. 2015. 226 f. Dissertation (Doctorate in Philosophy Biology). - The University of New Mexico, Albuquerque, New Mexico, 2015.
- KERSTERS, K.; DE VOS P.; GILLIS, M.; SWINGS, J.; VANDAMME, P.; STACKEBRANDT, E. Introduction to the Proteobacteria. In: DWARKIN, M.; FALKOW, S.; ROSENBERG, E.; SCHLEIFER, K. H.; STACKEBRANDT, E. (Eds). **The Prokaryotes**. 3. ed. vol. 5. New York: Springer, 2006, cap. 1, p. 3-37.
- KESHRI, J.; MISHRA, A.; JHA, B. Microbial population index and community structure in saline-alkaline soil using gene targeted metagenomics. **Microbiological Research**, v. 168, n. 3, p. 165-173, 2013.
- LANGILLE, M. G. I.; ZANEVELD, J.; CAPORASO, J. G.; MCDONALD, D.; KNIGHTS, D.; REYES, J. A.; CLEMENTE, J. C.; BURKEPILE, D. E.; THURBER, R. L. V.; KNIGHT, R.; BEIKO, R. G.; HUTTENHOWER, C. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. **Nature Biotechnology**, v. 31, n. 9, p. 814-821, sept. 2013.
- LAVELLE, P. Ecological challenges for soil science. **Soil Science**, Washington, v. 165, n. 1, p. 73-86, 2000.
- LEJON, D. P. H.; CHAUSSOD, R.; RANGER, J.; RANJARD, L. Microbial community structure and density under different tree species in an acid forest (Morvan, France). **Microbial Ecology**, v. 50, n. 4, p. 614-625, 2005.
- LI, C. H.; TANG, L. S.; JIA, Z. J.; LI, Y. Profile Changes in the Soil Microbial Community When Desert Becomes Oasis. **PLOS ONE**, v. 10, n. 10, p. 1-15, 2015.
- LIMA, Júlia Elidia de. **Diversidade de bactéria e Archaea em solos de Mata Atlântica no estado de São Paulo**. 2011. 83 f. Dissertação (Mestrado em Microbiologia Agrícola). – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

- LOMBARD, V.; RAMULU, H. G.; DRULA, E.; COUTINHO, P. M.; HENRISSAT, B. The Carbohydrate-active enzymes database (CAZy) in 2013. **Nucleic Acids Res.**, v. 42, n. 1, p. 490-495, 2014.
- LÓPEZ-LÓPEZ, O.; KNAPIK, K.; CERDÁN, M. E.; GONZÁLEZ-SISO, M. I. Metagenomics of an alkaline hot spring in Galicia (Spain): microbial diversity analysis and screening for novel lipolytic enzymes. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, n. 1, artigo 1291, 2015.
- MARSCHNER, P.; CROWLEY, D.; YANG, C. H. Development of specific rhizosphere bacterial communities in relation to plant species, nutrition and soil type. **Plant and Soil**, v. 261, n. 1, p. 199-208, apr. 2004.
- MEYER, F.; PAARMANN, D.; D'SOUZA, M.; OLSON, R.; GLASS, E. M.; KUBAL, M.; PACZIAN, T.; RODRIGUEZ, A.; STEVENS, R.; WILKE, A.; WILKENING, J.; EDWARDS, R. A. The metagenomics RAST server - a public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes. **BMC bioinformatics**, v. 9, n. 1, p. 386, set. 2008.
- MG-RAST. Metagenomics Analysis Server. 2015. **Organism Abundance**. Disponível em: <<http://metagenomics.anl.gov/>>. Acesso em: 03 out. 2015.
- _____. Metagenomics Analysis Server. 2015. **Organism Abundance**. Disponível em: <<http://metagenomics.anl.gov/>>. Acesso em: 04 out. 2015.
- _____. Metagenomics Analysis Server. 2015. **Organism Abundance**. Disponível em: <<http://metagenomics.anl.gov/>>. Acesso em: 05 out. 2015.
- _____. Metagenomics Analysis Server. 2015. **Functional Abundance**. Disponível em: <<http://metagenomics.anl.gov/>>. Acesso em: 10 abr. 2016.
- _____. Metagenomics Analysis Server. 2015. **Functional Abundance**. Disponível em: <<http://metagenomics.anl.gov/>>. Acesso em: 11 abr. 2016.
- _____. Metagenomics Analysis Server. 2015. **Functional Abundance**. Disponível em: <<http://metagenomics.anl.gov/>>. Acesso em: 12 abr. 2016.
- MILHOME, M. A. L.; SOUSA, D. O. B.; LIMA, F. A. F.; NASCIMENTO, R. F. Avaliação do potencial de contaminação de águas superficiais e subterrâneas por pesticidas aplicados na agricultura do Baixo Jaguaribe, CE. **Eng Sanit Ambient**, v. 14, n. 3, p. 363-372, jul/set. 2009.
- MILITON, C.; BOUCHER, D.; VACHELARD, C.; PERCHET, G.; BARRA, V.; TROQUET, J.; PEYRETAILLADE, E.; PEYRET, P. Bacterial community changes during bioremediation of aliphatic hydrocarbon-contaminated soil. **FEMS Microbiol Ecol**, v. 74, n. 3, p. 669-681, 2010.
- MOREIRA, Wellington Marcelo Queixas. **Estudo da diversidade e atividade bacteriana em solos de floresta e sob cultivo de cana-de-açúcar**. 2013. 103 f. Tese (Doutorado em

Microbiologia Agropecuária). – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo, 2013.

MOREIRA, A. R. P.; MARACAJA, P. B.; MOURA GUERRA, A. M. N.; SIZENANDO FILHO, F. A.; PEREIRA, T. F. C. Composição florística e análise fitosociológica arbustivo-arbóreo no município de Caraúbas-RN. **Revista Verde** (Mossoró-RN-Brasil), v. 2, n. 1, p. 113-126, Janeiro/Julho de 2007.

OLIVEIRA, D. A.; DUDA, G. P.; MENDES, A. M. S.; OLIVEIRA, R. A.; FERNANDES, M. B. Caracterização química do solo em uma área de implantação do projeto de recuperação de áreas degradadas da Jica no município de Pedro Avelino-RN. **Revista Caatinga**, v. 21, n. 1, p. 179-188, 2008.

PACE, N. R. A molecular view of microbial diversity and the biosphere. **Science**, Washington, v. 276, n. 5313, p. 734-740, may, 1997.

PACE, N. R.; STAHL, D. A.; OLSEN, G. J. Analyzing natural microbial populations by rRNA sequences. **ASM News**, v. 51, n. 1, p. 4-12, 1985.

PISA, G.; MAGNANI, G. S.; WEBER, H.; SOUZA, E. M.; FAORO, H.; MONTEIRO, R. A.; DAROS, E.; BAURA, V.; BESPALHOK, J. P.; PEDROSA, F. O.; CRUZ, L. M. Diversity of 16S rRNA genes from bacteria of sugarcane rhizosphere soil. **Braz J Med Biol Res**, v. 44, n. 12, p. 1215-1221, 2011.

RAGOT, S. A.; KERTESZ, M. A.; BÜNEMANN, E. K. *phoD* Alkaline Phosphatase Gene Diversity in Soil. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 81, n. 20, p. 7281-7289, 2015

RIBOLDI, G. P.; MATTOS, E. P.; FRAZZON, J. Biogenesis of [Fe-S] cluster in Firmicutes: an unexploited field of investigation. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 104, n. 3, p. 283-300, 2013.

RIZZINI, C. T. **Tratado de fitogeografia do Brasil**. Volume 2. Aspectos sociológicos e florísticos. Editora da Universidade de São Paulo, São Paulo, 1979.

RODRIGUES, J. L. M.; PELLIZARI, V. H.; MUELLER, R.; BAEK, K.; JESUS, E. C.; PAULA, F. S.; MIRZA, B.; HAMAOUJ JR., G. S.; TSAI, S. M.; FEIGL, B.; TIEDJEG, J. M.; BOHANNAN, B. J. M.; NÜSSLEIN, K. Conversion of the Amazon rainforest to agriculture results in biotic homogenization of soil bacterial communities. **PNAS**, v. 110, n. 3, p. 988-993, jan. 2013.

RODRIGUES, Thiago Bruce. **Diversidade metagenômica microbiana de biomas terrestres e marinhos**. 2011. 250 f. Tese (Doutorado em Genética). - Instituto de Biologia, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2011.

- ROSELLÓ-MORA, R.; AMANN, R. The species concept for prokaryotes. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 25, n. 1, p. 39-67, 2001.
- SAUL-TCHERKAS, V.; UNC, A.; STEINBERGER, Y. Soil Microbial Diversity in the Vicinity of Desert Shrubs. **Microb Ecol**, v. 65, n. 3, p. 689-699, 2013.
- SÁ, I. B.; CUNHA, T. J. F.; TAURA, T. A.; DRUMOND, M. A. **Mapeamento da desertificação do semiárido paraibano com base na sua cobertura vegetal e classes de solos**. Anais XVI Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto - SBSR, Foz do Iguaçu, PR, Brasil, 13 a 18 de abril de 2013, INPE.
- SANTOS, J. Z. L.; FURTINI NETO, A. E.; RESENDE, A. V.; CURI, N.; CARNEIRO, L. F.; COSTA, S. E. V. G. A. Frações de fósforo em solo adubado com fosfatos em diferentes modos de aplicação e cultivado com milho. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 32, n. 2, p. 705-714, 2008.
- SCHNEIDER, Dominik. **Metagenomic and metatranscriptomic analyses of calcifying biofilms**. 2013. 134 f. Dissertation (mathematisch-naturwissenschaftlichen Doktorgrades). – Georg-August University School of Science, Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen, 2013.
- SHANGE, R. S.; ANKUMAH, R. O.; IBEKWE, A. M.; ZABAWA, R.; DOWD, S. E. Distinct soil bacterial communities revealed under a diversely managed agroecosystem. **PLOS ONE**, v. 7, n. 7, p. e40338, 2012.
- SONTHIPHAND, P.; HALL, M. W.; NEUFELD, J. D. Biogeography of anaerobic ammonia-oxidizing (anammox) bacteria. **Frontiers in microbiology**, v. 5, n. 1, p. 1-14, 2014.
- SOUZA, R. C.; CANTÃO, M. E.; VASCONCELOS, A. T. R.; NOGUEIRA, M. A.; HUNGRIA, M. Soil metagenomics reveals differences under conventional and no-tillage with crop rotation or succession. **Applied Soil Ecology**, v. 72, n. 1, p. 49-61, 2013.
- SPAIN, A. M.; KRUMHOLZ, L. R.; ELSHAHED, M. S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. **The ISME Journal**, v. 3, n. 8, p. 992-1000, 2009.
- TAKETANI, R. G.; KAVAMURA, V. N.; MENDES, R.; MELO, I. S. Functional congruence of rhizosphere microbial communities associated to leguminous tree from Brazilian semiarid region. **Environmental Microbiology reports**, v. 7, n. 1, p. 95-101, 2015.
- TAVARES, Válter Cardoso. **A desertificação do em São João do Cariri (PB): uma análise das vulnerabilidades**. 2014. 109 f. Dissertação (Mestrado em Desenvolvimento Regional). – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande, 2014.
- TORSVIK, V.; ØVREÅS, L. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems. **Current Opinion in Microbiology**, v. 5, n. 3, p. 240-245, June, 2002.

- TORSVIK, V.; GOKSØYR, J.; DAAE, F. L. High diversity in DNA of soil bacteria. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 56, n. 3, p. 782-787, mar. 1990.
- TORSVIK, V.; DAAE, F. L.; SANDAA, R. A.; OVREÅS, L. Novel techniques for analyzing microbial diversity in natural and perturbed environments. **Journal of Biotechnology**, v. 64, n. 1, p. 53-62, sept. 1998.
- TRAVASSOS, I. S.; SOUZA, B. I. Solos e desertificação no sertão paraibano. **Cadernos do Logepa**, v. 6, n. 2, p. 101-114, 2011.
- TU, Q.; ZHOU, X.; HE, Z.; XUE, K.; WU, L.; REICH, P.; HOBBIE, S.; ZHOU, J. The diversity and co-occurrence patterns of N₂-Fixing communities in a CO₂-Enriched grassland ecosystem. **Microb Ecol**, v. 71, n. 3, p. 604-615, 2015.
- WHITMAN, W. B.; COLEMAN, D. C.; WIEBE, W. J. Prokaryotes: the unseen majority. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, v. 95, n. 12, p. 6578-6583, june, 1998.
- YOUSSEF, N. H.; ELSHAHED, M. S. Diversity rankings among bacterial lineages in soil. **ISME J.**, v. 3, n. 3, p. 305-313, mar. 2009.
- ZEYAULLAH, M.; KAMLI, M. R.; ISLAM, B.; ATIF, M.; BENKHAYAL, F. A.; NEHAL, M.; RIZVI, M. A.; ALI, A. Metagenomics - An advanced approach for noncultivable microorganisms. **Biotechnology and Molecular Biology Reviews**, v. 4, n. 3, p. 49-54, June, 2009.