

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO

ADRIANA BEZERRA DOS SANTOS

**INFLUÊNCIA DO MATERIAL DE ORIGEM E DA COBERTURA
VEGETAL NA MICROBIOTA DE SOLOS DO SEMIÁRIDO TROPICAL**

RECIFE

2022

Adriana Bezerra dos Santos

Engenheira Agrônoma

Influência do material de origem e da cobertura vegetal na microbiota de solos do semiárido tropical

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutora em Ciência do Solo.

Orientador: Prof. Dr. Mario de Andrade Lira Junior

Coorientadores: Dr. Felipe José Cury Fracetto
Prof. Dr. Valdomiro Severino de Souza Júnior

**Recife
2022**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

S237i

Santos, Adriana Bezerra dos
Influência do material de origem e da cobertura vegetal na microbiota de solos do semiárido tropical / Adriana
Bezerra dos Santos. - 2022.
71 f. : il.

Orientador: Mario de Andrade Lira Junior.
Coorientador: Felipe Jose Cury Fracetto.
Inclui referências e anexo(s).

Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo,
Recife, 2023.

1. Diversidade. 2. Fungos micorrízicos. 3. Rocha básica. 4. Rocha ácida. 5. Rizóbio. I. Junior, Mario de Andrade
Lira, orient. II. Fracetto, Felipe Jose Cury, coorient. III. Título

CDD 631.4

Autorizo a reprodução e divulgação total ou parcial deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de estudo e pesquisa, desde que citada a fonte.

ADRIANA BEZERRA DOS SANTOS

Influência do material de origem e da cobertura vegetal na microbiota de solos do semiárido tropical

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutora em Ciência do Solo.

Aprovada em 17 de novembro de 2022

Prof. Dr. Mario de Andrade Lira Junior
Orientador
Universidade Federal Rural de Pernambuco

BANCA EXAMINADORA

Dr. Felipe José Cury Fracetto
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Prof. Dr. Jakson Leite
Instituto Federal do Pará

Prof. Dr. Jean Cheyson Barros dos Santos
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Dr. Vinicius Santos Gomes da Silva
Usina Caeté

Dedico

Ao meu pai José Bezerra *in
memoriam* por todos
ensinamentos e carinho, a minha
querida mãe Maria Creuza, a
minha irmã Maria Aparecida, aos
meus sobrinhos e a meu
namorado José Roberto por todo
apoio e amor.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço à Deus pela força e coragem para vencer cada obstáculo que encontrei nessa caminhada até aqui. Por me proporcionar saúde, sabedoria, força e me permitir mais essa conquista. Agradeço também por colocar tantas pessoas especiais na minha vida que tanto me ajudaram e apoiaram.

Ao meu pai José Bezerra de Sá *in memoriam*, pelos ensinamentos da vida, por me fazer ser o que sou. À minha mãe Maria Creuza dos Santos, por toda compreensão e amor. À minha irmã Maria Aparecida em nome de todas as minhas irmãs e aos meus sobrinhos por todo apoio e incentivo. Sou grata a toda minha família pelo imenso apoio e confiança.

Ao meu namorado e companheiro, José Roberto (Beto), pelo incentivo, amor, cumplicidade, compreensão e por estar presente em todos os momentos decisivos dessa etapa.

Ao meu orientador Prof. Dr. Mario de Andrade Lira Junior pela orientação, ética, confiança e paciência para ajudar nesta etapa acadêmica da minha vida.

Aos meus coorientadores Dr. Felipe José Cury Fracetto e Prof. Dr. Valdomiro Severino de Souza Júnior, por todo apoio e ensinamentos para a realização deste trabalho.

Ao grande apoio dos Professores Dra. Giselle Gomes Monteiro Fracetto e novamente ao Dr. Felipe José Cury Fracetto, que mesmo com orientações de IC's, mestrandos, doutorandos e aulas não mediram esforços para contribuir com meu desempenho acadêmico e me aconselhar. Sou muito grata por vocês fazerem parte desse programa de Ciência do Solo, por terem tanto amor por todos nós!

A Prof.a Dra. Lindete Míria Vieira Martins por todo apoio, incentivo e ensinamentos. Obrigada por ter despertado em mim o amor pela pesquisa.

À família que me acolheu tão bem aqui em Recife (Dona Ducarmo e Seu Epitácio).

Aos preciosos amigos, que sempre estiveram dispostos a me ajudar: Juliet Emily, Cintia Gouveia, Stella Carvalho, Emanuelle Maria, Petrônio, Leandro Reis, Luiz Henrique, Juscelia da Silva, Glêvia Lima, Willian Ramos, Sueide Karina, Yure Romero, Lion Vitor, Danilo Barros, Danilo Rodrigues, Aleksandro Ferreira, Aglair Alves, Vinicius Gomes, Mayame Brito, Jane Fabrícia, Cybelle Oliveira, Jannifer Nicoli, Renato Veríssimo, Jaciane Rosa, Marilya Gabryella, Nara Núbia, Lucía Nuñez, Isabel Correia, Michelle, Flávio, Eduardo Santana, Tiago Santos e Laercio Neves. Obrigada a todos por contribuírem de alguma forma com o desenvolvimento da tese. Sem o apoio de vocês não teria conseguido chegar até aqui!

A Socorro e Vânia em nome de todos os outros funcionários, por todo apoio e carinho. Obrigada por deixar nossa caminhada mais leve!

A Simone e Adriana do Laboratório de Química Ambiental por todo apoio e ajuda durante a análise de P da planta.

Ao Dr. Jakson Leite por todo apoio e por ser sempre prestativo.

A Inês e Domênico por todo apoio e incentivo.

A todos os professores do programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo que contribuíram na construção do meu conhecimento.

Aos membros da banca: por aceitarem contribuir com este trabalho.

Ao Núcleo de Ecologia e Monitoramento Ambiental (NEMA) da Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf).

À Universidade Federal Rural de Pernambuco, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, pela oportunidade, acolhimento e condições concedidas para a realização do trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

A todos, meu muito obrigado!

“Fortalecei-vos no Senhor e na força do seu poder”

(Efésios 6:10-20)

Influência do material de origem e da cobertura vegetal na microbiota de solos do semiárido tropical

RESUMO

O semiárido tropical apresenta solos com diferentes graus de degradação, onde a vegetação não consegue recuperar o seu potencial florístico naturalmente, com prováveis efeitos na microbiota do solo. Além disso, o material de origem predominante no solo pode ser determinante na diversidade e na atividade microbiana. Sendo assim, o objetivo deste estudo foi estabelecer as influências de solos formados sobre rochas ácidas (Planossolo) ou básicas (Luvisso) na população bacteriana e fúngica em ambiente semiárido vegetado e em desertificação no trópico semiárido de Pernambuco, Brasil. Foram realizadas caracterizações químicas, densidade do solo (DS) e granulometria para cada horizonte de um solo com cada origem, com vegetação ou em desertificação. Paralelamente, a população bacteriana de nódulos foi determinada para feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. (Walp)) também para todos os horizontes e, após 32 dias de inoculação, foi estimado o número de bactérias, e feita caracterização por box-PCR e sequenciamento do gene 16S de estirpes representativas. Também foram extraídos esporos fúngicos e a colonização de FMA foi determinada utilizando como hospedeira a jurema-preta (*Mimosa tenuiflora* Mart. (Benth.)), obtendo-se assim a taxa de micorrização. O fósforo da biomassa microbiana do solo foi estimado, além da quantificação da glomalina em frações de proteínas facilmente extraível (GFE) e total (GT). Todas as variáveis foram avaliadas comparando os dois tipos de solo e as duas coberturas, de forma independente, pelo teste t de Student, ao nível de 10% de significância. Foram encontrados 132 isolados, sendo sequenciadas 30 estirpes. A população bacteriana foi afetada negativamente pelos teores de Mg, Mn, Fe, pH, Ca^{2+} , Mg^{2+} e argila, já o número de isolados bacterianos foram afetados pela presença de Ca, Zr, Ca^{2+} , K^+ e argila. A diversidade bacteriana foi afetada por K_2O , K^+ e Ca^{2+} . A população bacteriana apresentou-se maior no Planossolo, enquanto a presença da vegetação favoreceu uma maior diversidade bacteriana, e talvez maior redundância funcional. A maioria dos isolados bacterianos sequenciados pertence ao gênero *Paenibacillus*, sendo também encontrados isolados pertencentes aos gêneros *Bacillus*, *Aneurinibacillus*, *Priestia* e *Methylobacterium*, com predominância de bactérias pertencentes ao filo Firmicutes. O fósforo da biomassa microbiana foi significativamente superior no Planossolo, mas não foi afetado pela cobertura vegetal. O número de esporos de fungos micorrízicos apresentou uma correlação negativa para Ca, Mg^{2+} , Argila, Mg, Ti, Fe, Na^+ e Ca^{2+} , já a taxa de colonização mostrou correlação positiva para P e K^+ . O Luvisso apresentou maior GFE e GT que o Planossolo. De forma geral, ambos os solos estudados apresentam populações bacterianas e fúngicas capazes de fixar nitrogênio e disponibilizar P, respectivamente, mesmo nos horizontes mais profundos, que portanto podem desempenhar papel na formação destes solos e de sua fertilidade.

Palavras-chave: Diversidade. Fungos micorrízicos. Rocha básica. Rocha ácida. Rizóbio.

Influence of source material and vegetation cover on tropical semi-arid soils microbiota

ABSTRACT

The tropical semi-arid region has soils with different degrees of degradation, where the vegetation cannot naturally recover its floristic potential, with likely effects on soil microbiota. In addition, parent material of predominant soils can be determinant in microbial diversity and activity. Thus, this study aimed to establish the influences of soils formed on acidic rocks (Planosol) and of basic rocks (Luvisol) on the bacterial and fungal population in a vegetated semi-arid environment and in desertification in the state of Pernambuco, Brazil. Chemical characterizations, soil density (DS) and granulometry were carried out for each horizon of a soil with each origin, with vegetation or in desertification. At the same time, the bacterial population of nodules was determined in cowpea (*Vigna unguiculata* L. (Walp)) also for all horizons and, after 32 days of inoculation, the number of bacteria was estimated, and characterization was performed by box-PCR and sequencing of the 16S gene of representative strains. Fungal spores were also extracted, and AMF colonization was determined using black jurema (*Mimosa tenuiflora* Mart. (Benth.)) as host, thus obtaining the mycorrhization rate. Soil microbial biomass phosphorus was estimated, in addition to the quantification of glomalin in easily extractable (GFE) and total (GT) protein fractions. All variables were evaluated by independently comparing the two soil types of soil and the two plant covers, by Student's t test, at a 10% significance level. A total of 132 isolates were found, and 30 strains were sequenced. The bacterial population was negatively affected by the levels of Mg, Mn, Fe, pH, Ca²⁺, Mg²⁺ and clay, whereas the number of bacterial isolates was affected by the presence of Ca, Zr, Ca²⁺, K⁺ and clay. Bacterial diversity was affected by K₂O, K⁺ and Ca²⁺. The bacterial population was higher in Planossolo, while the presence of vegetation favored greater bacterial diversity, and perhaps greater functional redundancy. Most bacterial isolates sequenced belong to the genus *Paenibacillus*, and isolates belonging to *Bacillus*, *Aneurinibacillus*, *Priestia* and *Methylobacterium* genera are also found, with a predominance of bacteria belonging to the phylum Firmicutes. Phosphorus in microbial biomass was significantly higher in Planossolo but was not affected by vegetation cover. Mycorrhizal fungi spore numbers showed a negative correlation with Ca, Mg²⁺, Clay, Mg, Ti, Fe, Na⁺ and Ca²⁺, whereas the colonization rate showed a positive correlation for P and K⁺. The Luvisol presented a greater amount of GFE and GT proteins than the Planosols, but there was no development of AMF spores, regardless of the presence or absence of vegetation. Therefore, it is concluded that the chemical and physical nature of the soil formed of basic rock did not favor the increase in the bacterial population and AMF spores. In general, both soils studied have bacterial and fungal populations capable of fixing nitrogen and making P available even at the deepest horizons, which may therefore have a role in soil formation and fertility.

Keywords: Diversity. Mycorrhizal fungi. Basic rock. acid rock. Rhizobia.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Perfil do Planossolo da área em desertificação (PAD) e com vegetação (PCV) pertencentes ao município de Itacuruba-PE, Brasil	25
Figura 2 - Perfil de Luvisolo da área em desertificação (LAD) e com vegetação (LCV), pertencentes ao município de Itacuruba-PE, Brasil	26
Figura 3 - Caracterização fenotípica de isolados bacterianos ao longo do perfil de Planossolo e Luvisolo com a presença de vegetação e em desertificação no município de Itacuruba-PE, Brasil	38
Figura 4 - Coeficiente de correlação de Pearson entre as variáveis microbiológicas e os atributos químicos e físicos do Planossolo e Luvisolo, Itacuruba-PE, Brasil	40
Figura 5 - Percentagem da solubilização de fosfato de cálcio pelos isolados bacterianos, obtidos ao longo de um perfil de Planossolo e de um Luvisolo com vegetação e em desertificação, Itacuruba-PE, Brasil	41
Figura 6 - Árvore filogenética determinada pelo método neighbour-joining gerada a partir do parâmetro Kimura 2 e teste de bootstrap com 1000 repetições. Sequências do gene 16S rRNA dos isolados bacterianos de nódulos de feijão-caupi	43
Figura 7 - Coeficiente de correlação de Pearson entre as variáveis relacionadas aos FMA e os atributos químicos e físicos de Luvisolos e Planossolos, Itacuruba-PE, Brasil	45

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Características dos horizontes pedogenéticos e suas respectivas profundidades nos perfis de Planossolo e Luvisolo, Itacuruba-PE, Brasil.....	26
Tabela 2 - Características químicas, granulometria e densidade de Planossolos e Luvisolos com vegetação e em desertificação ao longo de seus horizontes, Itacuruba-PE, Brasil.....	27
Tabela 3 - Elementos totais determinados por fluorescência de raios-x em Luvisolo e Planossolo, Itacuruba-PE, Brasil	28
Tabela 4 – Elementos totais, atributos químicos e físicos de Luvisolos e Planossolos e de solos com vegetação ou em desertificação de Itacuruba-PE, Brasil.	36
Tabela 5 - Populações bacterianas e dos índices de diversidade de Luvisolo e Planossolo do município de Itacuruba-PE, Brasil.....	37
Tabela 6 - Identidade e cobertura das sequências de 16S rRNA comparadas com outras sequências depositadas no GenBank (NCBI)	42
Tabela 7 – Variáveis relacionadas aos FMA em Luvisolo e Planossolo com a presença da vegetação e em desertificação, Itacuruba-PE, Brasil.....	44

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
1.1 Hipóteses	16
1.2 Objetivos	16
1.2.1 <i>Objetivo Geral</i>	16
1.2.2 <i>Objetivos Específicos</i>	16
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	17
2.1 Semiárido brasileiro	17
2.2 Bioma Caatinga e sua microbiota	17
2.3 Solos do semiárido brasileiro	19
2.4 Bacterias no microbioma solo	20
2.5 Fungos micorrízicos arbusculares	22
2.6 Impressão digital genômica com base em BOX-PCR	23
3 MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1 Descrição da área de estudo	24
3.2 Caracterização química	26
3.3 Análise de elementos totais determinados por fluorescência de raios-x.....	27
3.4 Estimativa e isolamento da população bacteriana endofítica associada a nódulos.....	28
3.5 Isolamento, caracterização morfofisiológica e armazenamento dos isolados.....	29
3.6 Extração do DNA genômico total dos isolados	30
3.7 Impressão digital do genoma BOX-PCR.....	30
3.8 Amplificação e sequenciamento do gene 16S rRNA dos isolados bacterianos	30
3.9 Avaliação da solubilização de fosfato de cálcio e alumínio	31
3.10 Extração e densidade de esporos de fungos micorrízicos arbusculares	32
3.11 Análise de colonização de raízes de jurema-preta (<i>Mimosa tenuiflora</i>) por FMA.....	32
3.12 Proteína do solo relacionada à glomalina	33
3.13 Fósforo da biomassa microbiana do solo	34
3.14 Análise estatística.....	34
4 RESULTADOS.....	35
4.5 Elementos totais determinados por fluorescência de raios-x, atributos químicos e físicos de Luvissole e Planossolo com vegetação e em desertificação	35

4.6 Estimativa do número de rizóbios de Luvissole e Planossolo com vegetação e em desertificação.....	36
4.7 Caracterização morfofisiológica de isolados bacterianos de Luvissole e Planossolo com vegetação e em desertificação	37
4.8 Impressão digital do genoma BOX-PCR.....	39
4.9 Correlação de Pearson entre as variáveis microbiológicas e os atributos químicos e físicos do Planossolo e Luvissole.....	39
4.10 Solubilização de fosfato de cálcio e alumínio	40
4.11 Sequenciamento do gene 16S rRNA dos isolados bacterianos	41
4.12 Número de esporos, taxa de colonização em raízes de <i>Mimosa tenuiflora</i>, teor de fósforo da planta, PRGS-FE, PRGS-T e fósforo da biomassa microbiana em Luvissole e Planossolo com vegetação e em desertificação	43
5 DISCUSSÃO	46
6 CONCLUSÕES	53
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	54
ANEXO A - Isolados bacterianos ao longo de um Planossolo com vegetação	68
ANEXO B - Isolados bacterianos ao longo de um Planossolo sem vegetação.....	68
ANEXO C – Isolados bacterianos ao longo de um perfil de Luvissole com vegetação	69
ANEXO D – Isolados bacterianos ao longo de um perfil de Luvissole sem vegetação	69
ANEXO E - Dendrograma de impressão digital de similaridade com base nos perfis BOX-PCR dos isolados do Planossolo com vegetação (PCV), Planossolo em desertificação (PAD), Luvissole com vegetação (LCV) e Luvissole em desertificação (LAD) do semiárido. Utilizando o algoritmo UPGMA e o coeficiente Jaccard	70

1 INTRODUÇÃO

O semiárido brasileiro se caracteriza pela precipitação pluviométrica concentrada em poucos meses do ano, com distribuição irregular e pelas altas taxas de evapotranspiração. Nessa região, o bioma predominante é a Caatinga, constituída por diversos vegetais como árvores e arbustos com espinhos, com alta diversidade florística. No entanto, a vegetação vem sendo explorada para diversos fins, frequentemente de forma excessiva, levando a degradação do solo e de sua cobertura vegetal. Assim, como o processo geomorfológico natural da evolução da depressão sertaneja que também dificulta a restituição da cobertura vegetal nessas áreas.

A região semiárida apresenta relevo plano a ondulado, com maior parte da região inserida na Depressão Sertaneja com predomínio de gnaisses, granitos, migmatitos e xistos; áreas do cristalino recoberto por materiais mais ou menos arenosos; e áreas sedimentares relativamente recentes (10.000 anos) em comparação ao cristalino de 2-3 bilhões de anos de depósitos fluviais. De modo geral, os Planossolos e Luvisolos estão entre as principais classes de solo dessa região quanto a sua extensão.

Os Luvisolos são desenvolvidos de rochas com relativa maior quantidade de minerais máficos, incluindo algumas rochas básicas, podendo apresentar contribuição de sedimentos depositados na superfície, com alta fertilidade. Esses solos apresentam também argila de atividade alta e elevada saturação por bases. Já nos Planossolos, o material de origem é constituído por saprolito de rochas ácidas e sedimentos para os horizontes superficiais, trata-se de solos bplex e suas áreas estão relacionadas principalmente a má drenagem e sinais visíveis de hidromorfismo, condicionando baixos teores de óxidos de ferro livre.

Planossolos e Luvisolos abrigam uma grande biodiversidade de micro-organismos, os quais desempenham papéis fundamentais na ciclagem da matéria orgânica, incluindo a disponibilização de nutrientes essenciais para o desenvolvimento vegetal, atuando assim, para saúde do solo. No microbioma solo, as bactérias por meio da fixação biológica disponibilizam o nitrogênio (N), já as solubilizadoras de fosfatos e os fungos micorrízicos são responsáveis pela disponibilização de fósforo (P) ao vegetal. Além disso, esses micro-organismos promovem o intemperismo do material mineral por meio da acidificação, excreção de ligantes e mobilização de Mg, Fe, Al e K na interface hifa-mineral, contribuindo assim com a distribuição mineral ao longo dos horizontes pedogenéticos.

Alguns fatores como a composição química do material de origem do solo e a perda da vegetação, devido principalmente aos processos erosivos pelos quais a região semiárida tropical

está sujeita, podem influenciar nas populações bacterianas e fúngicas, promovendo mudanças na abundância e riqueza de determinadas espécies, a ponto de regredir a redundância funcional microbiana atuante no ecossistema solo, principalmente em regiões inseridas em núcleos de desertificação, onde a degradação da paisagem é notória.

Embora essenciais aos processos biogeoquímicos do solo, as diversidades das populações bacterianas e de fungos micorrízicos do solo tem sua amplitude de pesquisas restritas aos horizontes superficiais, desconsiderando os demais horizontes pedogenéticos. Portanto, conhecer essas comunidades microbianas e algumas de suas funções ao longo de todo o perfil de Luvisolos e Planossolos vegetados ou não, é fundamental para estabelecer relações com o material de origem desses solos, cujos resultados poderão auxiliar em demais estudos que objetivem a recuperação florística do ambiente semiárido.

1.1 Hipóteses

1- A natureza química de solos de rocha básica condiciona um aumento na diversidade e população rizobiana, devido a abundância de micronutrientes, em relação aos solos formados a partir de rocha ácida.

2- A ausência da vegetação em Luvisolos e Planossolos diminui a população bacteriana, a abundância de esporos fúngicos e a taxa de colonização micorrízica.

3- Solos provenientes de rochas básicas promovem maiores disponibilidades de P disponível e imobilizado pela biomassa microbiana do que os solos formados a partir de rochas ácidas.

4- O aumento de fósforo em profundidade promove a diminuição da abundância de esporos fúngicos e das taxas de micorrização, tanto em solos de rocha básica quanto em solos de rocha ácida.

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo Geral

Estabelecer as influências de solos com diferentes materiais de origem na população bacteriana e fúngica em ambiente semiárido vegetado e em desertificação.

1.2.2 Objetivos Específicos

Todos os objetivos específicos abrangem Luvisolos e Planossolos em ambiente com e sem a vegetação predominante no ambiente semiárido tropical. São eles:

1-Quantificar os elementos químicos totais.

2- Mensurar o efeito do material de origem e da cobertura vegetal sobre a população e diversidade bacteriana.

3-Sequenciar os isolados obtidos ao longo do perfil pedogenético.

4- Avaliar o efeito do material de origem e da cobertura vegetal nos esporos de fungos micorrízicos arbusculares ao longo do perfil pedogenético.

5- Avaliar o efeito do material de origem e da cobertura vegetal na colonização de fungos micorrízicos arbusculares ao longo do perfil pedogenético.

6- Avaliar o efeito do material de origem e da cobertura vegetal na glicoproteína glomalina ao longo do perfil pedogenético.

7-Correlacionar os dados de caracterização química e física com os dados microbiológicos.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Semiárido brasileiro

Considerando a delimitação atual da Superintendência do Desenvolvimento do Nordeste (SUDENE) (Resolução 150, de 13 de dezembro de 2021), o semiárido brasileiro abrange 1.427 municípios (SUDENE, 2021), com precipitação pluviométrica média anual igual ou inferior a 800 mm; o índice de Aridez de Thornthwaite igual ou inferior a 0,50 e o percentual diário de déficit hídrico igual ou superior a 60%, considerando todos os dias do ano (SUDENE, 2021).

A maior parte do semiárido brasileiro situa-se no Nordeste e metade dos seus estados possuem mais de 85% de área caracterizada como semiárida, sendo o Ceará o estado que possui a maior parte de seu território com esse perfil (ASABRASIL, 2022). Essa região se caracteriza principalmente pela irregularidade das chuvas e pelas altas taxas de evapotranspiração, que juntas contribuem para o risco constante de escassez hídrica. Ao mesmo tempo tem-se monções torrenciais, que caem eventualmente em períodos curtos e provocam cheias (INSA, 2022).

Irregularidades pluviométricas, intensificação das mudanças climáticas e a exploração da vegetação do semiárido brasileiro elevam a degradação dos solos, com diminuição possivelmente irreversível da composição florística, deteriorando ainda mais a paisagem que contempla o bioma Caatinga, pontuando-se assim locais cujo microbioma solo perdeu suas funções essencialmente vitais na ciclagem da matéria orgânica, como acontece na região fitogeográfica do Sertão do São Francisco-PE, conhecida como Núcleo de Desertificação de Cabrobó (PEREZ-MARIN et al., 2012).

2.2 Bioma Caatinga e sua microbiota

No Semiárido ocorrem os biomas Caatinga e Cerrado, que estão presentes em 1/3 do território nacional. A Caatinga foi reconhecido como uma das 37 grandes regiões naturais do planeta, ao lado da Amazônia e do Pantanal, porém, por possuir 45% de sua área desmatada, passou a ser o terceiro bioma mais degradado do país depois da Mata Atlântica e do Cerrado. A Caatinga também tem uma importância fundamental para a biodiversidade do planeta, pois 1/3 de suas plantas e 15% de seus animais são espécies exclusivas desse bioma (ASABRASIL, 2022). O termo Caatinga vem da língua tupi-guarani (ka'a-madeira; tinga-branco), significando floresta branca. Este nome decorre devido ao aspecto acinzentado da vegetação decídua durante a estação seca (SILVA, 2019). A característica mais marcante das plantas regionais é a

deciduidade da maioria das árvores e arbustos, folhas pequenas, espinhos, hábito suculento, com produção de folhas e flores na estação chuvosa (FERNANDES, 2018).

A Caatinga hiperxerófila ocorre em locais baixos entre serras e planaltos, na chamada depressão sertaneja. Esta situa-se entre o Planalto da Borborema e a Chapada do Araripe, com altitudes dominantes na faixa de 300 a 500 m, relevo pouco movimentado, com ligeira inclinação voltada para a calha do rio São Francisco. Nos pedplanos (superfície com topografia plana a suavemente inclinada) são verificadas extensas áreas de Planossolos, Neossolos Litólicos e Luvisolos. O período de chuva nesta região é entre dezembro e maio, ficando a maior parte do ano em condições secas (ARAÚJO FILHO, 2003; TORRES; PFTALZGRAFF, 2014).

Na Caatinga ocorrem cerca de 3.150 espécies, distribuídas em 950 gêneros e 152 famílias de angiospermas (FERNANDES, 2018). A família Fabaceae é uma das mais representativas, com aproximadamente 300 espécies endêmicas distribuídas nas suas três subfamílias. Grande parte das leguminosas é capaz de formar simbiose com bactérias capazes de fixar biologicamente o nitrogênio atmosférico, contribuindo assim para a manutenção da fertilidade do solo e recomposição de nitrogênio perdido em solos da região semiárida (TEXEIRA et al., 2006).

A vegetação vem sendo severamente modificada pela agricultura, extração de madeira e pela ação contínua de rebanhos bovinos e caprinos, e apenas uma pequena porcentagem está bem preservada e protegida (SILVA, 2019; GIULIETTI et al., 2004). Estudos de algumas regiões do semiárido mostram a importância socioambiental de alguns produtos florestais madeireiros e não madeireiros, os quais são obtidos de diversas espécies nativas, com destaque para a utilização de troncos, galhos e cascas destas espécies. As principais espécies utilizadas são: marmeleiro (*Croton* sp.), jurema-preta (*Mimosa tenuiflora*), catingueira (*Poincianella pyramidalis*) e sabiá (*Mimosa caesalpiniiifolia*) (SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO, 2019; 2016).

O bioma da Caatinga inclui comunidades microbianas rizosféricas, que variam de acordo com vários fatores, dentre eles a temperatura do solo, espécies vegetais, estado nutricional, idade da planta, estresse e resistência a doenças (SILVA, 2019). O microbioma associado à vegetação inclui além das bactérias fixadoras de nitrogênio, as solubilizadoras de fosfato, fungos micorrízicos, agentes de biocontrole, de bioremediação, outros microorganismos promotores de crescimento vegetal e patogênicos (KUMAR et al., 2022; SEHRAWAT; SINDHU, 2019; SINGH et al., 2021).

Estudos recentes mostram que a degradação da cobertura vegetal pode afetar comunidades microbianas e suas funções, levando a uma diminuição de sua diversidade, além de alterações químicas do solo, conseqüentemente ou não (PEREIRA et al. 2022). Por exemplo, Luvisolos com diferentes níveis de degradação e com a perda da vegetação têm redução nos estoques de carbono e nitrogênio e na proporção de bactérias diazotróficas e mineralizadoras de fósforo (SANTOS et al., 2022), enquanto Planossolos degradados apresentaram uma redução nos estoques de C, embora tenham mantido os estoques de N e a biomassa microbiana, conforme observado por NEVES et al. (2021). Assim, é necessário ampliar o conhecimento acerca de populações específicas e de seus papéis nesses ambientes considerados degradados.

2.3 Solos do semiárido brasileiro

A maioria dos solos encontrados no semiárido brasileiro são pouco desenvolvidos (SARAIVA et al., 2021) e predominam os Planossolos, Neossolos Litólicos e Luvisolos que estão geologicamente representadas pelos Complexos Gnáissico-Migmatítico e Migmatítico-Granitóide, pertencentes ao Pré-Cambriano indiviso. Gnáissico-Migmatítico é de maior representação no estado de Pernambuco, onde compreende granitos, granodioritos, gnaisses e gabros. Migmatítico-Granitóide litologicamente está representado por rochas granitizadas e migmatitos (ARAÚJO FILHO, 2003).

Os Luvisolos, anteriormente conhecidos como Bruno não cálcico, fazem parte de áreas expressivas da região semiárida Pernambucana com cerca de 11 mil km² (11% da superfície do estado de Pernambuco) (ARAÚJO FILHO, et al., 2000) e têm como principal material de origem as rochas com relativo maiores conteúdos de minerais máficos (principalmente biotita-xisto). Esses solos, como descritos no Sistema Brasileiro de Classificação de solos apresentam horizonte B textural com argila de atividade alta, que corresponde a um valor igual ou superior a 27cmol_c Kg⁻¹ de argila. E saturação por bases alta que se aplica a solos com saturação por bases igual ou superior a 50% (eutrófico) na maior parte dos primeiros 100 cm do horizonte B, imediatamente abaixo de qualquer tipo de horizonte A (exceto A chernozêmico) ou sob horizonte E (EMBRAPA, 2018).

A principal característica de Luvisolos é a alta fertilidade natural, devido aos teores de nutrientes disponíveis para plantas e minerais primários que são facilmente intemperizados e ricos em bases trocáveis (CÂMARA et al., 2021). Luvisolos possuem atributos químicos, físicos e morfológicos que indicam a possibilidade de práticas agrícolas, porém com potencial de uso restrito devido à presença de calhaus e matacões que se espalham na superfície, além de

sua textura que varia à extremamente dura, dificultando o desenvolvimento do sistema radicular das culturas locais (OLIVEIRA et al., 1992; CÂMARA et al., 2021).

Os Planossolos, que comumente ocorrem na região Nordeste do Brasil, são predominantemente Nátricos ou Háplicos solódicos (IBGE, 2007). Em Pernambuco, esses solos abrangem uma extensão de aproximadamente 15.830 km² (16 % da superfície do Estado) (ARAÚJO FILHO et al., 2000). São originados de substratos diversificados (principalmente rochas ácidas) e estão mais correlacionados às áreas onde ocorrem problemas de deficiência de drenagem, comumente junto às calhas de rios e riachos (TORRES; PFTALZGRAFF, 2014) e são solos constituídos por material mineral com horizonte A ou E seguido de horizonte B plânico (EMBRAPA, 2018).

Os feldspatos presentes em Planossolos são importantes fontes de Ca⁺², K⁺ e Na⁺, e têm fácil decomposição, constituindo fontes de minerais de argila para o solo (CÂMARA, 2021). Rughöft et al. (2016) observaram que amostras de solo basáltico e levemente ácidas apresentaram em média cinco vezes maior conteúdo de N, C e nitrato do que os solos graníticos. Solos que são originados de rochas básicas, são mais ricos em micronutrientes quando comparados com solos originados sobre granitos (ARAÚJO FILHO, 2003; OLIVEIRA, et al., 1999; TILLER, 1989).

A formação inicial do solo é altamente dependente da atividade microbiana no intemperismo do mineral, mas ao mesmo tempo, o estabelecimento da microbiota é influenciado pela composição química e estrutura física do material de origem nos quais os solos se formam (RIBEIRO, 2020; KEL et al., 2013). Os micro-organismos podem desencadear o intemperismo mineral por meio de reações biomecânicas e bioquímicas, como a acidólise, transformações de redox e outros metabólitos (WANG et al., 2020), contribuindo para fertilização mineral dos solos. Além disso, a biodiversidade do solo também pode ser usada como indicador do funcionamento do ecossistema e do nível de sua perturbação (BARDGETT; VAN DER PUTTEN, 2014).

2.4 Bacterias no microbioma solo

Alguns micro-organismos, pertencentes aos domínios Bacteria e Archaea, são capazes de realizar a fixação biológica de nitrogênio (FBN), um processo extremamente importante, pois o nitrogênio é normalmente o nutriente limitante no desenvolvimento das culturas. Determinados micro-organismos diazotróficos são capazes de converter o N atmosférico relativamente inerte (N₂) em uma forma assimilável como a amônia (NH₃) e depois a nitrato (NO₃⁻) (AASFAR et al., 2021).

Dentre os diazotróficos destacam-se os rizóbios, que são bactérias fixadoras de nitrogênio capazes de estabelecer uma relação mutualística com leguminosas. Os rizóbios fixam nitrogênio em estruturas especializadas chamadas de nódulos radiculares, que são formados como resultado da sinalização molecular entre rizóbios e a planta hospedeira. A sinalização molecular ocorre com a liberação de flavonoides e isoflavonoides pelas raízes das plantas, que induzem os genes de expressão da nodulação (*NodABC*). Estes genes, que codificam enzimas responsáveis pela biossíntese e secreção de fatores *Nod* (FN) são lipoquitoligossacarídeos (LCOs) (DÉNARIÉ; DEBELLÉ; PROMÉ, 1996).

A presença da vegetação pode influenciar na comunidade de bactérias do solo pela liberação de uma variedade de moléculas, como açúcares, ácidos orgânicos e metabólitos secundários, como mucilagem que moldam as comunidades microbianas (SASSE; MARTINOIA; NORTHEN, 2018) e a escolha da espécie hospedeira utilizada para capturar rizóbios do solo também pode influenciar a diversidade das comunidades rizobianas (SANTOS et al., 2022). Estudos analisando a diversidade de comunidades bacterianas associadas aos nódulos de caupi detectaram que o tipo de solo foi o principal fator que impulsionava a composição de endofitos não rizobianos como o de Leite et al. (2017).

Características de fertilidade dos solos com diferentes usos agrícolas no semiárido brasileiro influenciam na diversidade genética nos isolados rizobianos de caupi (SENA et al., 2020). Os nutrientes contidos em minerais podem favorecer a adsorção ou não de determinados micro-organismos e alguns dos nutrientes liberados podem estar diretamente disponíveis à biota, ou podem formar precipitados (óxidos) que requerem solubilização para se tornarem disponíveis (UROZ et al., 2015).

Plantas inoculadas com rizóbio sobrevivem melhor em condições estressantes como seca e estresse salino do que as plantas não inoculadas (LIU; GUO; SHI, 2022). Algumas linhagens de rizóbios são bastante resistentes à perda de água do solo e podem sobreviver em micro-filmes de água ao redor das partículas do solo. Quando os rizóbios são expostas ao estresse osmótico, ele altera o lipopolissacarídeo da sua membrana, que é muito importante para o processo de reconhecimento do hospedeiro, podendo também afetar o cordão de infecção (SINGH et al. 2021).

Bactérias rizobianas ou não, que vivem dentro do nódulo, têm a capacidade produzir substâncias que contribuem para aliviar os estresses abióticos e atuam na promoção de crescimento vegetal, que incluem a solubilização fosfato (ETESAMI, 2022; COMPANT et al., 2005). Essas bactérias solubilizam fosfato por meio da liberação de prótons e de ácidos orgânicos e inorgânicos (ETESAMI; JEONG; GLICK, 2021). Essas substâncias ácidas

produzidas são capazes de modificarem as propriedades físico-químicas do solo que facilitam a solubilização do P fixado ou imobilizado no solo (ADNAN et al., 2022).

2.5 Fungos micorrízicos arbusculares

Uma variedade de plantas são colonizadas e têm relações simbióticas com fungos que formam micorrizas arbusculares (FMA) (SMITH; READ, 2008). Por meio de suas hifas criam uma rede subterrânea formando uma conexão direta entre raízes de plantas, solo e microflora associada (VAN DER HEIJDEN; THOMAS, 2009). Os FMAs contribuem para o crescimento e a saúde de suas plantas hospedeiras, aumentando a aquisição de nutrientes do solo, principalmente o fósforo inorgânico (QI et al., 2022) e, em troca, os FMAs recebem das plantas os carboidratos (SMITH; SMITH, 2011).

Os FMA pertencem ao grupo monofilético, Filo Glomeromycota, Classe Glomeromycetes (REDECKER; SCHÜSSLER; STOCKINGER, 2013). A simbiose entre FMA e raízes de plantas inicia-se por meio da sinalização molecular, onde as raízes liberam estrigolactona para os FMA na rizosfera. A percepção de estrigolactonas promove a germinação de esporos e ramificação de hifas. A invasão de FMA envolve uma infecção do hifopódio que permite o crescimento de hifas fúngicas na célula epidérmica da raiz. O fungo coloniza o córtex da raiz da planta por meio do crescimento das hifas intercelulares, já os arbusculos são formados em células corticais da raiz interna das hifas intercelulares (OLDROYD, 2013).

Os FMA produzem proteínas relacionadas à glomalina do solo (PRGS), que são glicoproteínas estáveis, pegajosas e hidrofóbicas produzidas em paredes das hifas. PRGS são recalcitrantes, resistentes a ataques microbianos e permanecem no solo por anos, permitindo o sequestro de C em longo prazo e a estabilidade dos agregados. No solo, essas glicoproteínas estão sob a forma facilmente extratável (FE) e total (T), sendo a PRGS-FE mais lábil do que a PRGS-T. A PRGS forma revestimentos protetores para hifas e agregados, protegendo as hifas da seca e do estresse salino (AGNIHOTRI et al., 2022).

Vários fatores interferem na colonização de FMA em plantas da Caatinga, tais como: competitividade nutricional dos hospedeiros, fisiologia das raízes e diferentes mecanismos de sobrevivência dos FMA, que são a germinação de esporos, quantidade de inóculo e crescimento micelial (MERGULHÃO et al., 2007). Estudos indicam que atividades antropogênicas, características do solo, tipos de vegetação e outras condições ambientais relacionadas ao microclima e às mudanças sazonais engatilham alterações nas comunidades e na distribuição

de espécies de FMA no semiárido (MARINHO et al., 2019; SILVA et al., 2014; VIEIRA et al., 2020).

O teor de argila pode reduzir a riqueza de FMA, indicando que a textura do solo pode ser restritiva para espécies de micorrizas (VIEIRA et al., 2020). Xião et al. (2019) observaram que a diversidade de FMA foi significativamente afetada pela adição de P e sabe-se que teores de P e N são determinantes da diversidade de fungos e da densidade de esporos nos solos. Além disso, a adição de nutrientes pode alterar a estequiometria de C, N e P, e os custos relativos e benefícios das simbioses de FMA (JOHNSON et al., 2010; MA et al., 2020).

A maioria dos estudos sobre a população rizobiana e de fungos micorrízicos avaliam apenas os horizontes superficiais dos solos. Assim, trabalhos que analisem informações sobre os micro-organismos ao longo de perfis pedogenéticos de solos formados por diferentes materiais de origem é de extrema importância no entendimento da atuação da população microbiana em ambientes semiáridos tropicais, tendo em vista a possibilidade de recuperação de áreas consideradas degradadas.

2.6 Impressão digital genômica com base em BOX-PCR

A diversidade genética pode ser determinada por técnicas moleculares, tais como elemento BOX à base de reação em cadeia da polimerase (BOX-PCR). Essa é uma técnica discriminatória precisa para determinar a relação genética e diversidade e é de grande importância em estudos que compõem um grande número de amostras (ERCOLE et al., 2021).

Diversos estudos utilizando essa técnica molecular tem sido relatado, como o trabalho de Ercole et al. (2021) que observaram em seu estudo uma alta diversidade intraespecífica entre isolados coletados da rizosfera do milho com base nos perfis BOX-PCR. No estudo de Chidebe et al. (2018) verificaram que a técnica foi empregada com sucesso em estudos de diversidade de rizóbios para identificar variações entre linhagens. E mesmo que a região seja altamente conservada, as distâncias genéticas entre sequências repetitivas podem variar em organismos não relacionados. Chibeba et al. (2020) estudando a diversidade de rizóbios e outras bactérias residentes em nódulos na região semiárida por meio da impressão digital genética por BOX-PCR verificou notável diversidade. E, Gasmi et al. (2019) explorando o potencial microbiano de um solo semiárido do centro-sul da Argélia, observou que a análise por impressões digitais genômicas com base em BOX-PCR mostrou alta diversidade genética dentro dos isolados estudados.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição da área de estudo

As amostras de solo foram coletadas ao longo de perfis de solos derivados de rocha ácida (Planossolo) (NEVES et al., 2021) e básica (Luvisolo) (SANTOS et al., 2022), com a presença de vegetação e em desertificação, no semiárido tropical de Pernambuco, no município de Itacuruba, localizado na Mesorregião do São Francisco em Pernambuco e Microrregião Sertão de Itaparica, inserida no Núcleo de Desertificação de Cabrobó. Os perfis são similares em todos os fatores de sua formação, com a exceção do material de origem e da presença ou cobertura vegetal muito mais esparsa predominantemente composta por Caatinga Hiperxerófila com trechos de Floresta Caducifólia.

A região de estudo pertence a unidade geoambiental da Depressão Sertaneja, caracterizada por uma superfície de pediplanação, relevo predominantemente suave-ondulado, cortada por vales estreitos. O clima é do tipo Tropical Semiárido, com chuvas de verão. O período chuvoso se inicia em novembro com término em abril, a precipitação média anual é de 431,8mm. Geologicamente, esse município está inserido na Província Borborema, sendo constituído por litotipos dos complexos Cabrobó e Belém do São Francisco, dos Granitóides Indiscriminados, da Suíte Calcialcalina Conceição e dos Depósitos Colúvio-eluviais e Aluvionares (CPRM, 2005).

→Planossolos

De acordo com o Sistema de Classificação Brasileiro de Solos (SIBCS), Embrapa (2018), os solos originados de rocha ácidas foram classificados como Planossolo Léptico Eutrício (Figura 1). O Planossolo da área em desertificação (PAD) está localizado a 08°48'56"S e 38°41'03"W, apresentando horizontes na sequência A-Btn-R/Cr. O Planossolo com vegetação (PCV), localiza-se a 08°45'02"S e 38°48'12"W, apresentando os horizontes na sequência A1-A2-Btn1-Btn2-R/Cr e é coberto por vegetação de caatinga arbustiva ou arbórea arbustiva densa composto por: catingueira (*Caesalpinia pyramidalis*), faveleira (*Cnidóscolo baiano*), pereira (*Aspidosperma pyriformium*), jurema-preta (*Mimosa tenuiflora*), macambira (*Encholirium* sp.), xique-xique (*Pilosocereus gounellei*) e coroa-de-frade (*Melocactus bahiensis*).

Figura 1 - Perfil do Planossolo da área em desertificação (PAD) e com vegetação (PCV) pertencentes ao município de Itacuruba-PE, Brasil

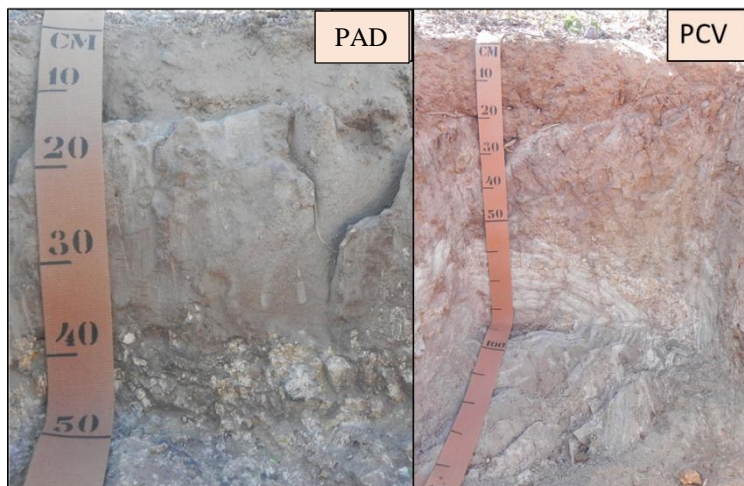


Foto: Neves (2021)

→Luvisolos

De acordo com o Sistema de Classificação Brasileiro de Solos (SIBCS), Embrapa (2018), os solos originados de rochas básicas foram classificados como Luvisolos crômicos (Figura 2). O Luvisolo da área em desertificação (LAD) (Figura 2) está localizado a $08^{\circ}44'48.6''S$ / $38^{\circ}46'27''W$) apresenta horizontes na sequência A-Bt-C-Cr. O Luvisolo com vegetação (LCV) localiza-se a $08^{\circ}42'22.1''S$ / $38^{\circ}45'20''W$, apresentando horizontes na sequência A-Bt-C-Cr1-Cr2 e tem a presença de vegetação predominante de: pereiro (*Aspidosperma pyrifolium* Mart.), catingueira (*Poincianella pyramidalis*), jurema-preta (*Mimosa tenuiflora* Willd), coroa-de-frade (*Melocactus bahiensis* Britton & Rose) e mandacaru (*Cereus jamacaru*).

Os horizontes e as respectivas profundidades dos perfis de Planossolo e Luvisolo estão descritos na tabela 1.

Figura 2 - Perfil de Luvissole da área em desertificação (LAD) e com vegetação (LCV), pertencentes ao município de Itacuruba-PE, Brasil

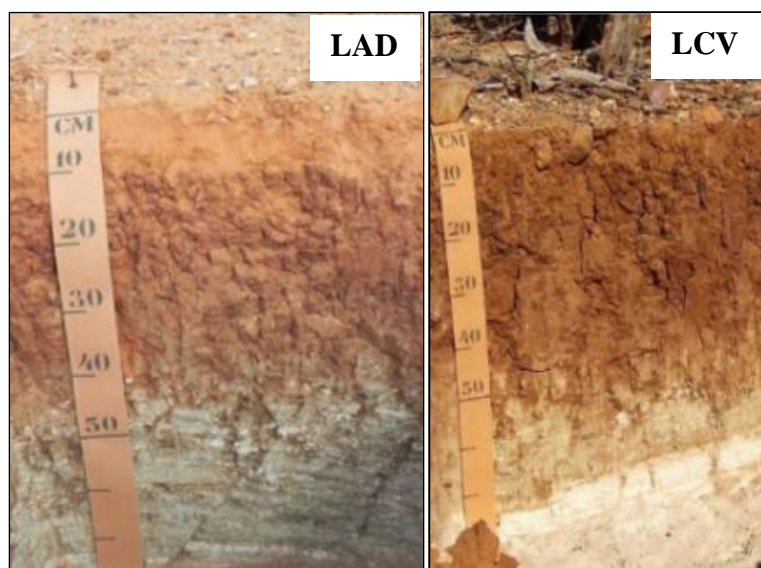


Foto: Valdomiro Souza-Júnior (2018) (LAD) e Silva (2018) (LCV)

Tabela 1 - Características dos horizontes pedogenéticos e suas respectivas profundidades nos perfis de Planossolo e Luvissole, Itacuruba-PE, Brasil

PLANOSSOLO em desertificação		PLANOSSOLO com vegetação		LUVISSOLO em desertificação		LUVISSOLO com vegetação	
Horizonte	Horizonte	Horizonte	Prof. (cm)	Horizonte	Prof. (cm)	Horizonte	Prof. (cm)
A	0-12	A1	0-10	A	0-8	A	0-9
Btn	12-30	A2	10-18	Bt	8-30	Bt	9-40
R/Cr	30-45+	Bt1	20-40	C	30-42	C	40-53
		Bt2	40-55	Cr	42-75+	Cr1	53-66
		R/Cr	55-85+			Cr2	66-80+

3.2 Caracterização química

As caracterizações químicas, densidade do solo (DS) e granulometria do PAD e PCV foram cedidas por Neves et al. (2021). A caracterização química foi realizada conforme métodos de análise presentes em Embrapa (2009) e a determinação da composição granulométrica foi pelo método do hidrômetro (EMBRAPA, 2017); argila dispersa em água (ADA); densidade do solo pelo método do anel volumétrico e torrão parafinado (GROSSMAN; REINSCH, 2002).

As caracterizações químicas, densidade do solo (DS) e granulometria do LAD foram cedidas por Santos et al. (2022) e do LCV por Silva (2018), conforme métodos de análise

presentes em Embrapa (2017), já a análise granulométrica foi realizada pelo método do densímetro, adaptado conforme Almeida (2008) e a DS foi determinada pelo método do torrão parafinado (EMBRAPA, 2017). Em todos os casos da caracterização química foram determinados: pH em água e KCl 1 mol L⁻¹ (relação 1:2,5); Acidez potencial pelo método de Acetato de cálcio 1 mol L⁻¹ e determinação por titulação; Ca²⁺, Mg²⁺ e Al³⁺ trocáveis extraídos por KCl 1 mol L⁻¹ e determinados por absorção atômica; Na²⁺ e K⁺ trocáveis extraídos por Mehlich 1 (HCl 0,05 mol L⁻¹ e H₂SO₄ 0,025 mol L⁻¹) e determinados por fotômetro de chama. O fósforo disponível foi extraído com solução de Mehlich 1 e determinados por colorimetria (Tabela 2).

Tabela 2 - Características químicas, granulometria e densidade de Planossolos e Luvisolos com vegetação e em desertificação ao longo de seus horizontes, Itacuruba-PE, Brasil

Horizontes	pH (H ₂ O)	P	K ⁺	Na ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Argila	Areia	Silte	DS
Perfil Planossolo com vegetação (NEVES et al., 2021)										
		mg.kg ⁻¹	cmolc kg ⁻¹				g.kg ⁻¹			kg.m ⁻³
A1	6,4	0,39	0,03	0,01	1,36	5,13	100	680	220	1,54
A2	5,8	0,24	0,01	0,02	1,91	2,2	150	695	145	1,58
Btn1	6,5	0,25	0,01	0,22	2,82	2,76	403	384	213	2,2
Btn2	6,5	1,03	0,01	0,2	4,5	7,14	408	528	62	2,2
R/Cr	6,9	18,66	0,01	0,09	1,7	5,17	110	848	36	1,1
Perfil Planossolo em desertificação (NEVES et al., 2021)										
A	5,6	0,78	0,02	0,16	1,19	1,6	109	761	141	2,2
Btn	6,9	0,32	0,01	0,37	1,89	2,9	362	546	84	2,19
R/Cr	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd	nd
Perfil Luvisolo com vegetação (SILVA, 2018)										
		mg.kg ⁻¹	cmolc kg ⁻¹				g.kg ⁻¹			kg.m ⁻³
A	6,9	18,6	0,52	0,11	9,1	5,04	313	529	159	1,32
Bt	7,2	0,53	0,08	1,34	10,07	13,64	534	337	129	1,88
C	7,2	2,33	0,09	2,31	10,59	19,27	433	425	132	1,89
Perfil Luvisolo em desertificação (SANTOS et al. (2022)										
A	6,3	6,5	0,32	0,32	7,25	3,55	285	555	166	1,67
Bt	5,9	2,5	0,13	4,36	14,85	10,1	383	447	171	1,59
C	7	6,5	0,12	4,25	13,05	9	371	525	107	1,9

Não determinado (nd)

3.3 Análise de elementos totais determinados por fluorescência de raios-x

As amostras dos solos foram maceradas em almofariz e passadas em peneira de 200 mesh (0,074 mm de abertura da malha). Uma porção de amostra foi seca em estufa a 110 °C, seguida por secagem em mufla a 1000 °C por 2 horas para determinação da perda ao fogo para parte da amostra, e análise em espectrômetro de fluorescência de raios-X para o restante. Os resultados

da varredura semi-quantitativa foram recalculados para 100% após a incorporação do valor da perda ao fogo. Os resultados foram expressos em peso%. (Tabela 3).

Tabela 3 - Elementos totais determinados por fluorescência de raios-x em Luvissole e Planossolo, Itacuruba-PE, Brasil

Horizontes	Na ₂ O	MgO	Al ₂ O ₃	SiO ₂	P ₂ O ₅	K ₂ O	CaO	TiO ₂	MnO	Fe ₂ O ₃	ZrO ₂
Perfil	Planossolo com vegetação										
A1	1,53	0,92	19,65	62,25	0,03	4,27	1,61	0,77	0,09	3,59	0,05
A2	1,41	0,89	19,26	63,29	0,02	4,22	1,68	0,73	0,07	3,56	0,07
Btn1	0,82	1,60	21,82	51,98	0,00	2,16	1,59	1,09	0,06	8,00	0,04
Btn2	1,11	1,85	21,01	53,63	0,00	2,57	1,80	1,07	0,07	7,10	0,05
R/Cr	3,73	0,88	16,67	63,39	0,18	5,78	3,20	0,69	0,05	3,34	0,05
Perfil	Planossolo em desertificação										
A	2,53	0,48	16,68	67,70	0,07	3,62	1,38	0,76	0,05	2,58	0,10
Btn	2,13	0,92	20,53	58,50	0,01	2,86	1,08	0,96	0,04	5,09	0,08
R/Cr	4,90	0,40	17,20	64,63	0,00	6,92	1,79	0,28	0,18	1,55	0,22
Perfil	Luvissole com vegetação										
A	1,72	1,67	18,50	54,83	0,06	2,27	1,68	1,03	0,27	7,42	0,06
Bt	1,48	1,58	19,94	51,30	0,01	1,52	1,34	1,07	0,19	9,36	0,05
C	1,86	2,75	18,55	50,34	0,01	2,19	1,43	1,05	0,46	10,24	0,04
Cr1	1,93	2,92	18,00	52,33	0,06	2,53	1,48	0,90	0,51	9,64	0,04
Cr2	1,93	2,92	18,00	52,33	0,06	2,53	1,48	0,90	0,51	9,64	0,04
Perfil	Luvissole em desertificação										
A	1,32	0,99	16,92	58,74	0,05	4,24	3,02	1,84	0,17	7,84	0,31
Bt	1,76	1,74	19,67	53,71	0,03	2,90	2,30	1,48	0,22	8,31	0,11
C	1,46	2,80	19,46	50,94	0,01	2,75	2,35	1,44	0,10	9,53	0,08
Cr	2,76	2,13	16,88	56,52	0,22	3,27	4,40	1,20	0,13	7,35	0,13

3.4 Estimativa e isolamento da população bacteriana endofítica associada a nódulos

O experimento para quantificação e captura da população bacteriana foi conduzido em casa de vegetação. Foram avaliadas 17 amostras compostas de solo, sendo: 3 amostras do Planossolo em desertificação (horizontes A, Btn e R/Cr) e 5 amostras do Planossolo com vegetação (A1, A2, Btn1, Btn2 e R/Cr), 4 amostras do Luvissole em desertificação (A, Bt, C e Cr) e 5 do Luvissole com vegetação (A, Bt, C, Cr1 e Cr2). Para cada horizonte, foram avaliadas oito diluições seriais e três repetições, no delineamento em blocos inteiramente casualizados. Também foram avaliados um controle negativo não inoculado e sem N, um com a inoculação da estirpe BR3267 de *Bradyrhizobium yuanmingense* (LEITE et al., 2018), recomendada para a cultura (BRASIL, 2011) e outro com N mineral (HOAGLAND; ARNON 1950).

As diluições seriais foram obtidas pela suspensão de 10 g de solo, 40 ml de solução fisiológica estéril (0,85% de NaCl) sob agitação durante 30 min a 125 rpm em agitador orbital,

para a diluição 5^{-1} , seguida por cinco passos sucessivos de uma adição de 1,0 mL de alíquota em tubo contendo 4,0 mL de solução fisiológica (diluições de 5^{-2} a 5^{-6}).

A planta-isca foi o feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp) cultivado em copos de 500 mL com areia:vermiculita 1:1 esterilizada por autoclavagem. As sementes foram desinfestadas superficialmente com álcool a 70% durante 30 segundos e imersas em solução de hipoclorito de sódio a 2,5% durante 5 minutos, com 8 lavagens sucessivas em água destilada esterilizada. Posteriormente foram colocadas para germinar em papel germitest esterilizado, umedecido e incubados a 28 ° C durante 2 dias.

As plântulas foram inoculadas com 1,0 mL de cada diluição. Durante o experimento foi aplicada água destilada e autoclavada de acordo com a necessidade das plantas e de solução nutritiva de Hoagland; Arnon (1950) sem N duas vezes por semana. Após 32 dias de inoculação, as plantas foram coletadas e observado a presença ou ausência de nódulos, estimando-se o número de isolados bacterianos no solo, com base em Briones jr. e Reichardt (1999). As plantas foram coletadas e a parte aérea separada do sistema radicular. Após lavagem das raízes, os nódulos foram destacados, contados e acondicionados em sílica gel até o isolamento.

3.5 Isolamento, caracterização morfofisiológica e armazenamento dos isolados

Para o isolamento, foram selecionados 15 nódulos aleatoriamente de cada horizonte do PAD, PCV, LAD e LCV. Os nódulos foram desinfestados de forma semelhante às sementes. Após a desinfestação, os nódulos foram macerados com o auxílio de uma pinça e riscados com alça de platina em placas de Petri com meio de cultura YMA (levedura-manitol-ágar) (VINCENT, 1970), com adição de vermelho congo (0,25% em 0,2N de KOH). As placas foram incubadas em câmara de crescimento tipo BOD e sucessivamente repicadas em placas contendo meio de cultura YMA, com indicador azul de bromotimol (0,5% em 0,2N de KOH), até a obtenção de colônias puras.

A caracterização dos isolados foi baseada no tempo de crescimento para aparecimento de colônias isoladas (rápida: até 3 dias; intermediária: 4 a 5 dias; lenta: 6 a 10 dias); alteração do pH (ácido, neutro e alcalino); quantidade de muco (pouco ou muito); tamanho (<1, 1 a 2 mm e > 2 mm), cor das colônias (amarela, branca, rósea e creme), tipo de muco (viscoso, butírico e floculoso) e quantidade de muco (escasso, pouco, intermediário e muito). Depois de caracterizados, iniciou-se o processo de estocagem dos isolados em tubos de polipropileno contendo meio YM com glicerina a 20% e armazenados em freezer.

3.6 Extração do DNA genômico total dos isolados

Para extração do DNA genômico total bacteriano utilizou-se o método “bead beating” que consiste em: lise da célula, extração e concentração dos ácidos nucleicos, precipitação de impurezas e purificação (ARAÚJO et al., 2020).

3.7 Impressão digital do genoma BOX-PCR

Para a caracterização genotípica, os perfis de DNA foram obtidos nas análises box-PCR para 132 isolados capturados ao longo dos perfis dos solos tratamentos avaliados (LAD, LCV; PAD e PCV).

As impressões digitais de DNA bacteriano foram obtidas com o método BOX-PCR utilizando o primer BOX A1R (5'-CTACGGCAAGGCGACGCTGACG-3') (VERSALOVIC et al., 1994). O volume final da reação foi de 10µL e continha: 1,0 µL de tampão (1x), 0,6 µL de MgCl₂ (3 mM), 0,3 µL de dNTPs (0,3 mM), 2 µL de primer (0,2 µM), 0,2 µL de Taq (1U), 1 µL de DNA e água milli-Q estéril para completar o volume da reação. As condições de PCR utilizadas foram a desnaturação inicial de 94°C por 7 min, seguida por 35 ciclos de desnaturação a 94°C por 1 min, anelamento a 53°C por 1 min e extensão a 65°C por 8 min, com um ciclo de extensão final de 65°C para 16 min.

Os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese horizontal contendo tampão TBE 0,5X a 65 V, durante 360 min em géis de agarose a 1,5%, corados com SybrGold. E os géis foram visualizados sob luz UV (KASCHUK et al., 2006). Fragmentos dentro da faixa de 300 a 1500 bp foram considerados na análise e um dendrograma de similaridade foi construído (Anexo E). Os dendrogramas foram construídos com o programa Geljv2 utilizando o coeficiente de Jaccard e algoritmo UPGMA (HERAS et al., 2015; DELAMUTA et al., 2017) a 80% de similaridade formando 30 grupos (Anexo E) sendo selecionado um representante de cada grupo para o sequenciamento. Para estimativa da diversidade genética foram construídos dendrogramas a 100% de similaridade e o programa de software de estatística (PAST) (HAMMER et al., 2001). Foram calculados os índices de Dominância, Simpson, Shannon, Margalef e Equitabilidade.

3.8 Amplificação e sequenciamento do gene 16S rRNA dos isolados bacterianos

Para a amplificação parcial do gene 16S rRNA foram utilizados os iniciadores 27F (AGAGTTTGACCTGGCTCAG) e 1492R (GGTTACCTTGTTACGACTT) (LANE, 1991). O

volume final da reação de amplificação foi de 50 µL e constituiu-se de: 2 µL de DNA, 1,5 µL de MgCl₂, 5,0 µL tampão 10X para PCR, 1,0 µL dNTP's, 2,0 µL de cada primer (27F e 1492R), 0,6 µL de Taq DNA Polimerase e água Mili-Q para completar a reação. A reação de amplificação foi realizada em termociclador, nas seguintes condições: desnaturação inicial de 94 °C por 5 minutos, 35 ciclos de desnaturação a 94 °C por 40 segundos, anelamento a 55 °C por 40 segundos, extensão a 72 °C por 1 minuto e 30 segundos e uma extensão final de 72 °C, por 7 minutos. Os produtos amplificados foram avaliados em géis de agarose 1% a 100V durante 30 min e visualizados sob luz UV.

Os produtos de PCR foram enviados para a Macrogen (Coreia do Sul) para purificação e sequenciamento. As sequências obtidas foram comparadas ao banco de dados do NCBI. Para a realização do alinhamento pelo programa Clustal W (THOMPSON et al., 1994), foram obtidas sequências similares no GenBank (NCBI). As sequências alinhadas foram utilizadas para análise filogenética pelo método Neighbour-Joining, usando Kimura-2 parâmetros (KIMURA, 1980) pelo programa MEGA 6 (TAMURA et al., 2013), aplicando um bootstrap com um mínimo de 1.000 replicações.

3.9 Avaliação da solubilização de fosfato de cálcio e alumínio

A avaliação da solubilização de fosfato de cálcio e alumínio foi realizada para todos os 158 isolados bacterianos. Sendo, a solubilização de fosfato de cálcio bibásico realizada segundo a metodologia descrita por Verma; Ladha; Tripathi (2001) com modificações. E para fosfato de alumínio utilizando o método descrito por Hara; Oliveira (2005).

Foi retirado uma porção da colônia isolada e foi realizado um leve toque no meio de cultura com auxílio de alça de platina. Esse procedimento foi realizado em triplicata. Os isolados foram incubados em meio de cultura sólido e incubados a 28°C por 15 dias. Quando foi observado formação do halo translúcido em torno da colônia indica a solubilização do fosfato. Foi realizado a medição do halo com o auxílio de um paquímetro e o calculou-se o índice de solubilização (IS) (BERRAQUERO et al., 1976).

$$IS = \frac{\text{Diâmetro do halo}}{\text{Diâmetro da colônia}}$$

Os isolados foram classificados de acordo com os índices de solubilização como baixa (IS < 2), média (2 < IS < 4) e alta (IS > 4) capacidade de solubilização (HARA; OLIVEIRA, 2005).

3.10 Extração e densidade de esporos de fungos micorrízicos arbusculares

Para a extração dos esporos de FMAs foram utilizados 50g de solo de cada horizonte. Ao todo foram 17 amostras compostas de solo e 3 repetições, sendo: três amostras do PAD (horizontes A, Btn e R/Cr), cinco amostras do PCV (A1, A2, Btn1, Btn2 e R/Cr), quatro amostras do LAD (A, Bt, C e Cr) e cinco do LCV (A, Bt, C, Cr1 e Cr2) e uma amostra controle com *Glomus clarum* e 3 repetições. Foi utilizado uma amostra com esporos já conhecidos a título de comparação com os esporos extraídos nos solos estudados. A extração foi realizada por meio da técnica de peneiramento úmido (GERDEMANN; NICOLSON, 1963) e centrifugação em água e sacarose 50%, recolhidos em placa canaletada e quantificados em estereomicroscópio (40X). A quantificação dos esporos foi realizada no laboratório de Micologia da UFRPE. Os resultados da densidade foram expressos em quantidade de esporos por grama de solo.

3.11 Análise de colonização de raízes de jurema-preta (*Mimosa tenuiflora*) por FMA

O experimento para análise de colonização por FMA foi conduzido em casa de vegetação, nas dependências da Universidade Federal Rural de Pernambuco, avaliando as mesmas amostras da fase anterior e dois controles, um não inoculado e outro inoculado com *G. clarum*, com três repetições no delineamento em blocos casualizados.

Jurema-preta (*M. tenuiflora*) foi usada como planta-isca em sacos para mudas de 2 Kg, preenchidos com solo autoclavado (121 °C/1h por três dias consecutivos). O solo utilizado foi um Argissolo Amarelo com baixa disponibilidade de P coletado a uma profundidade de 0- 20 cm de uma área rural no município de Moreno, PE. As características físicas e químicas do solo foram determinadas por Buzó (2021) utilizando a metodologia da EMBRAPA (2017) e foram as seguintes: areia 420 g.Kg⁻¹, silte 345 g.kg⁻¹, argila 235 g.Kg⁻¹, pH H₂O =5,3; Al= 0,3 cmolcdm⁻³; Ca= 2,5 cmolcdm⁻³; Mg=1,15 cmolcdm⁻³; K=0,08 cmolcdm⁻³, NT= 1,18 g.Kg⁻¹; CO= 23,33 g.kg⁻¹, P=1,56 mg.dm⁻³, H+Al= 5,53 cmolc.dm⁻³.

As sementes de jurema-preta foram cedidas pelo Núcleo de Ecologia e Monitoramento Ambiental (NEMA) da Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf). A quebra da dormência das sementes foi por meio de escarificação com lixa, depois foram desinfestadas superficialmente com álcool 70% durante 30 segundos e imersas em solução de hipoclorito de sódio a 2,5% durante 5 minutos, com 8 lavagens sucessivas em água destilada esterilizada (ADE). Posteriormente foram colocadas para germinar em placas de Petri contendo ágar-água a 8,5 g.L⁻¹ e incubados a 28 ° C durante 5 dias.

Foi adicionado 10g de amostra de solo inóculo de cada horizonte e realizou-se a transferência das mudas para os sacos contendo solo autoclavado. Foi realizada a aplicação de água destilada e autoclavadas de acordo com a necessidade das plantas. Após 80 dias de inoculação, as plantas foram coletadas e as raízes lavadas e cortado segmentos de aproximadamente 3cm e armazenados em capsulas e em recipiente com álcool 70% até o momento da Análise. Para avaliação da taxa de micorrização, as raízes foram lavadas completamente com água da torneira para remover o álcool, e colocadas em recipiente contendo 10% de KOH e aquecidas em banho maria a 90 °C por 1 hora. Raízes branqueadas foram lavadas com água da torneira e as capsulas com as raízes foram colocadas em solução de tinta de caneta e no banho maria a 90°C por 1 min., depois foram para tubos Falcon contendo lacto glicerol incolor. O material do tubo Falcon foi colocado em placa canaletada e quantificados em estereomicroscópio (40X). A colonização da raiz de FMA foi determinada registrando presença ou ausência de infecção em pontos de intersecção raiz/grade e expressa em porcentagem (GIOVANNETTI; MOSSE, 1980; PHILLIPS; HAYMAN, 1970).

Para a análise do conteúdo total de P, a parte aérea das plantas foram moídas e a determinação ocorreu por meio da digestão úmida em forno micro-ondas no laboratório de química ambiental de solos da UFRPE. O tecido vegetal foi digerido com HNO₃ 65% em tubos de Teflon fechado sob temperatura de 170 °C a 180 °C e pressão de 20 bar a 25 bar. A determinação de P foi por meio de espectrofotometria com amarelo-de-vanadato (EMBRAPA, 2009).

3.12 Proteína do solo relacionada à glomalina

A extração e quantificação da glomalina foi realizada para os Planossolos e os dados dos Luvisolos foram obtidos por Santos et al. (2022). A extração foi a partir de 1 g de cada amostra de solo de cada horizonte em 8 mL de tampão citrato de sódio. Ao todo foram 6 amostras compostas de solo e 3 repetições, sendo: 2 amostras do Planossolo em desertificação (horizontes A e Btn) e 4 amostras do Planossolo com vegetação PCV (A1, A2, Btn1, Btn2), as amostras de solo se encontravam refrigeradas. Duas frações de proteínas do solo relacionadas à glomalina (PSRG) foram avaliadas: facilmente extraível (GFE) e total (GT). Para a obtenção da GFE foi realizada uma primeira autoclavagem de 1g de solo acrescido de 8 mL de citrato de sódio (20mM; pH 7,0) por 30 minutos. Para a extração da GT foram necessários múltiplos ciclos de autoclavagem por 60 minutos com reposição da solução extratora (2 mL) de citrato de sódio (50mM; pH 8,0) até que o sobrenadante não apresentasse coloração típica de glomalina, ou seja, vermelho-amarronzado (WRIGHT; UPADHYAYA, 1998). Depois disso, ambas foram

quantificadas pelo método de Bradford (1976), em espectrofotômetro (595 nm) e os dados apresentados em miligrama por grama de solo.

3.13 Fósforo da biomassa microbiana do solo

A avaliação do P da biomassa microbiana do solo (P-BMS) foi estimada para o Planossolo com vegetação e em desertificação e os dados do Luvisso solo com vegetação e em desertificação foram obtidos por Santos et al. (2022). Foi utilizado o método da irradiação e extração conforme descrito por Mendonça; Matos (2017) e adaptado de Islam; Weil (1998). Foram pesadas 1,5g de amostra de solo de cada horizonte. Ao todo foram 6 amostras compostas de solo refrigerado e 3 repetições, sendo: 2 amostras do Planossolo em desertificação (horizontes A e Btn) e 4 amostras do Planossolo com vegetação PCV (A1, A2, Btn1, Btn2). Uma parte das amostras foram irradiadas e outras não irradiadas. A leitura da absorbância foi em espectrofotômetro à 882 nm de comprimento de onda.

Para determinação da concentração de P nas amostras foi utilizada a curva padrão de P. Foi realizado também o ensaio do P-recuperado (P-Spike) que é necessário para os cálculos de P-BMS. A determinação da umidade das amostras foi realizada a partir de 10 g de solo pesado em placas de Petri e seco em estufa à 105 °C por 24 horas. Os teores de P presente na biomassa microbiana foram calculados a partir das equações abaixo:

$$P_{liq} = PI - PNI$$

Onde: P_{liq} = P líquido, PI = teor de P na amostra irradiada, PNI = teor de P na amostra não irradiada.

$$P_{mic} (mg\ kg^{-1}) = P_{liq}/Kp \times 100\ \%/Prec$$

Onde: $Kp = 0,40$ (fator de correção referente a fração de P extraído pelo $NaHCO_3$), %Prec = percentual de P recuperado após agitação do solo com 1 mL de solução 25 mg L⁻¹ de P.

3.14 Análise estatística

Foi utilizado o teste t de amostra para testar se há diferença estatisticamente significativa entre os valores médios dos atributos químicos, físicos e microbiológicos em Luvisso solos e Planossolos com e sem vegetação, após a determinação da igualdade de variância no desvio padrão e tamanho da amostra por meio do método Pooled e Satterthwaite. A significância estatística foi definida com um valor de p de 0,1 ou menos. As análises de correlação linear de Pearson a 10% de significância foram realizadas desconsiderando os tipos de solo e cobertura vegetal. Os coeficientes de correlação foram considerados como fracos de 0,10 até 0,30, moderados, de 0,40 até 0,6 ou fortes de 0,70 até 1 (DANCEY; REIDY, 2005).

4 RESULTADOS

4.5 Elementos totais determinados por fluorescência de raios-x, atributos químicos e físicos de Luvissole e Planossolo com vegetação e em desertificação

Os teores de Mg, Ti, Mn e Fe foram significativamente maiores no Luvissole, enquanto os teores de Si e K foram significativamente superiores no Planossolo, enquanto apenas Zr foi afetado pela cobertura vegetal, com maiores teores nos solos em desertificação (Tabela 4).

Os atributos químicos K^+ , Na^+ , Ca^{2+} e Mg^{2+} foram significativamente maiores no Luvissole do que no Planossolo, ao passo que o teor de argila foi significativamente superior no Luvissole e o de areia no Planossolo, não sendo encontradas diferenças significativas em função da presença de cobertura vegetal (Tabela 4).

Tabela 4 – Elementos totais, atributos químicos e físicos de Luvisolos e Planossolos e de solos com vegetação ou em desertificação de Itacuruba-PE, Brasil.

Variáveis	Luvisolo	Planossolo	Pr>t	Com vegetação	Em	
					desertificação	Pr>t
Na ₂ O	18,02	22,71	0,39	17,53	24,08	0,20
MgO	21,68	0,99	0,00	17,99	13,51	0,30
Al ₂ O ₃	184,35	191,01	0,41	191,37	181,94	0,24
SiO ₂	534,48	606,70	0,01	555,66	586,77	0,27
P ₂ O ₅	0,06	0,04	0,54	0,04	0,06	0,70
K ₂ O	26,89	40,50	0,06	30,04	37,94	0,26
CaO	21,64	17,66	0,35	17,28	23,31	0,22
TiO ₂	12,11	0,79	0,01	0,93	11,36	0,34
MnO	0,28	0,08	0,00	0,23	0,13	0,16
Fe ₂ O ₃	88,13	43,50	0,00	71,88	60,33	0,43
Zr _{total}	0,09	0,09	0,75	0,05	0,15	0,02
pH	67,50	63,71	0,21	66,75	63,40	0,29
P	61,60	30,96	0,43	52,54	33,20	0,56
K ⁺	0,21	0,01	0,04	0,10	0,12	0,79
Na ⁺	21,15	0,15	0,05	0,54	18,92	0,25
Ca ²⁺	108,18	21,96	0,00	52,56	76,46	0,41
Mg ²⁺	101,00	38,43	0,04	75,44	54,30	0,49
Argila	386,50	234,60	0,05	306,40	302,00	0,96
Areia	469,70	634,60	0,04	553,30	566,80	0,88
Silte	144,00	128,70	0,61	137,00	133,80	0,92
DS	17,08	18,59	0,48	17,14	19,10	0,36

* Os valores em negrito são significativamente superiores pelo teste t de Student de acordo com a Probabilidade indicada na coluna apropriada

4.6 Estimativa do número de rizóbios de Luvisolo e Planossolo com vegetação e em desertificação

A população bacteriana e o número de isolados foram significativamente maiores no Planossolo em relação ao Luvisolo, mas não houve diferença significativa para os índices de diversidade. Enquanto para população bacteriana não houve diferença significativa em função da presença de cobertura vegetal, o número de isolados e o índice de Margalef foram significativamente superiores em ambos os solos com a presença da vegetação (Tabela 5).

Tabela 5 - Populações bacterianas e dos índices de diversidade de Luvissole e Planossolo do município de Itacuruba-PE, Brasil

Variáveis	Luvissole	Planossolo	Pr>t	Com vegetação	Em desertificação	Pr>t
População	35,94	77,25	0,00	55,90	54,64	0,93
Isolados	60,00	98,75	0,08	99,00	48,57	0,02
Dominância	0,25	0,21	0,78	0,12	0,43	0,15
Simpson	0,75	0,79	0,78	0,89	0,57	0,15
Shannon	17,08	20,83	0,38	22,24	13,47	0,11
Margalef	27,64	37,00	0,24	38,37	22,23	0,04
Equitability	0,87	0,87	0,99	1,00	0,67	0,17

*Os valores em negrito são significativamente superiores pelo teste t de Student de acordo com a Probabilidade indicada na coluna apropriada

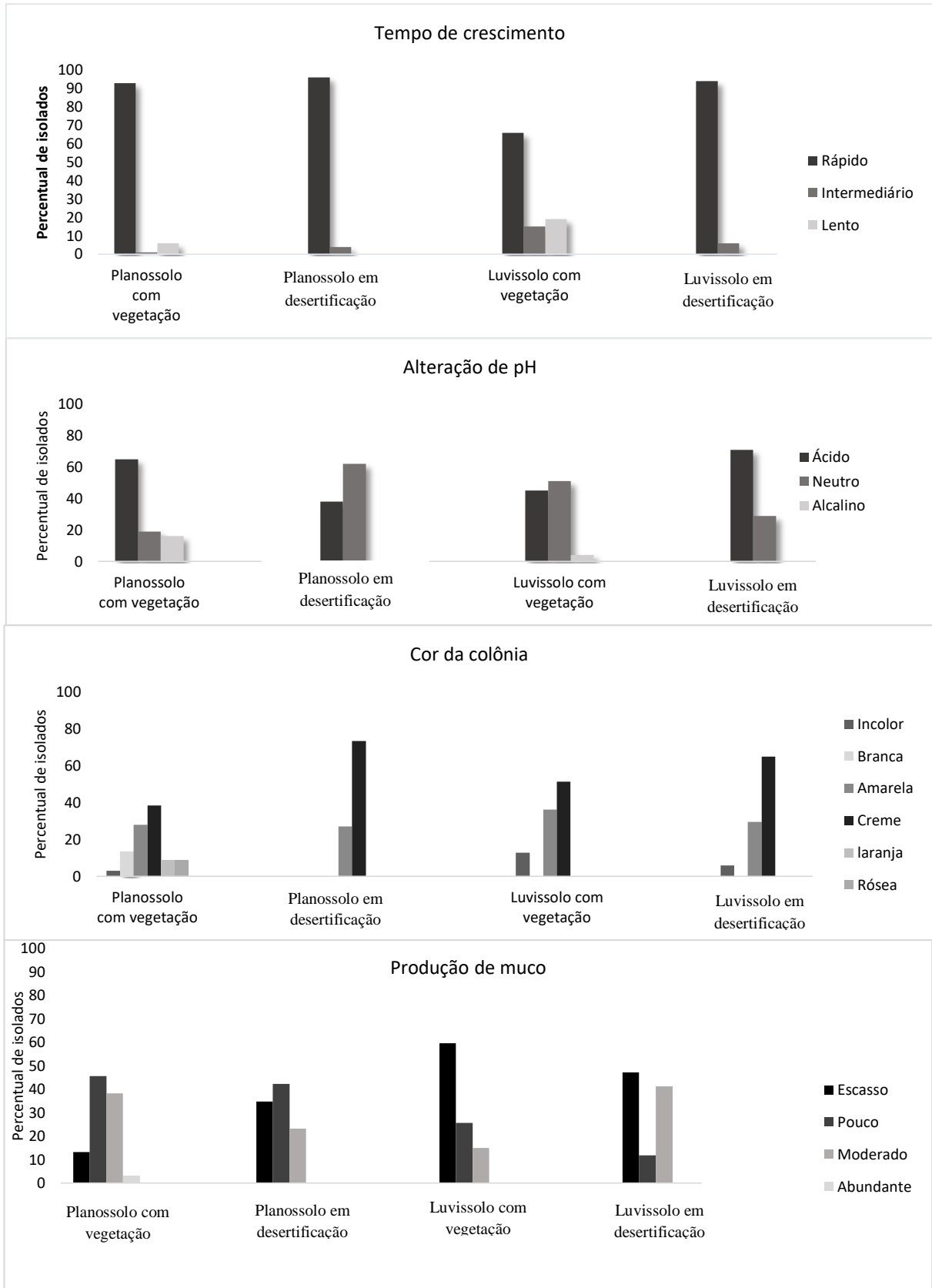
4.7 Caracterização morfofisiológica de isolados bacterianos de Luvissole e Planossolo com vegetação e em desertificação

Foram observadas a presença de bactérias ao longo de todos os perfis, com a exceção do horizonte Cr do Luvissole em desertificação. No total, foram obtidos 158 isolados, sendo 68 do Planossolo com vegetação, 26 do Planossolo em desertificação, 47 do Luvissole com vegetação e 17 do Luvissole em desertificação.

Embora nos solos com vegetação e em desertificação tenha ocorrido predominância de isolados de crescimento rápido, também foram encontrados isolados com crescimento lento nos solos com vegetação (Figura 3). Os solos com cobertura vegetal e em desertificação apresentaram isolados bacterianos capazes de alterar o pH para ácido, embora somente isolados dos solos com vegetação foram capazes de alterar o pH do meio para alcalino (Figura 3).

Com relação a cor da colônia, o Planossolo com a presença da vegetação apresentou uma maior variação de cor (Figura 3). A maioria dos isolados situaram-se na faixa de escasso até pouca produção de muco. Planossolo em desertificação e Planossolo com vegetação tiveram um maior percentual de isolados com pouca produção de muco e Luvissole em desertificação e Luvissole com vegetação tiveram um maior percentual de isolados com produção de muco escasso (Figura 3) e (Anexos A, B, C e D).

Figura 3 - Caracterização fenotípica de isolados bacterianos ao longo do perfil de Planossolo e Luvissoilo com a presença de vegetação e em desertificação no município de Itacuruba-PE, Brasil



4.8 Impressão digital do genoma BOX-PCR

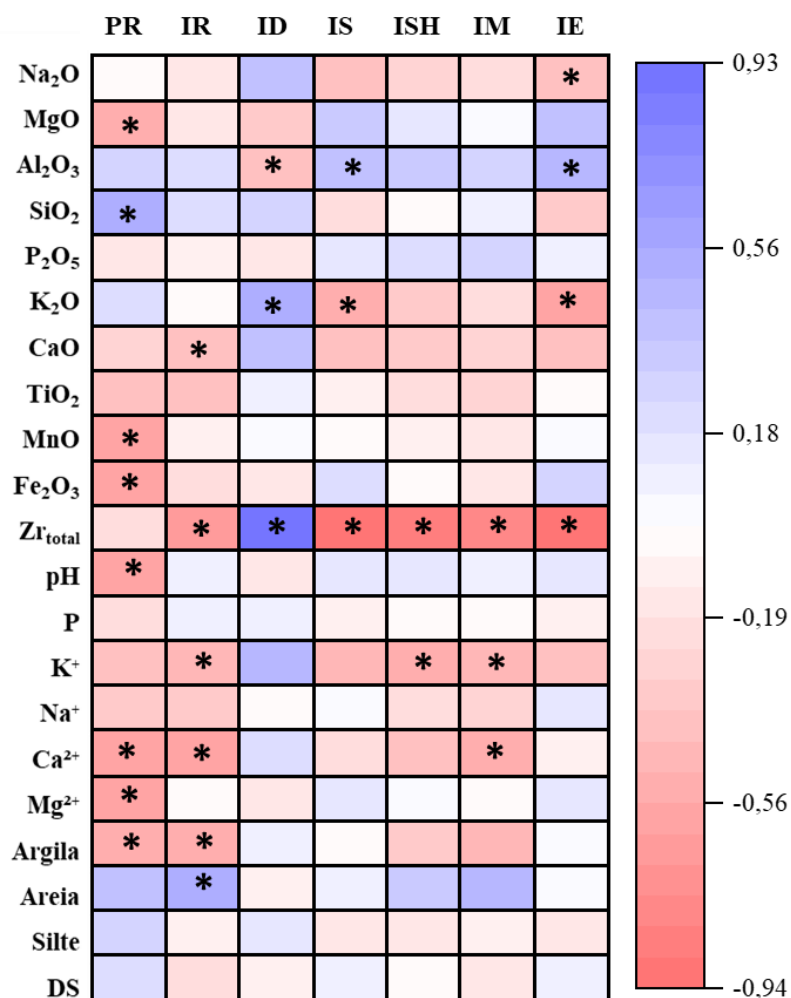
Para a análise de impressões digitais de DNA dos 132 isolados bacterianos obtidos do Luvissole com vegetação, Luvissole em desertificação, Planossolo com vegetação e Planossolo em desertificação. Todos os isolados apresentaram perfis únicos de DNA ao nível de 100% de similaridade pelo box-PCR, apresentando um grau elevado de diversidade genética (Anexo E).

4.9 Correlação de Pearson entre as variáveis microbiológicas e os atributos químicos e físicos do Planossolo e Luvissole

Para o coeficiente de correlação de Pearson, embora fosse esperado uma maior população bacteriana no Luvissole, em função de sua maior fertilidade em relação ao Planossolo, destaca-se que essa população e os seus isolados foram significativamente maiores no Planossolo.

A população bacteriana mostrou correlação negativa com força mediana e significativa para Mg, Mn, Fe, pH, Ca^{2+} , Mg^{2+} e argila e correlação positiva com força mediana e significativa para Si. O Al mostrou correlação positiva com força mediana para os índices de Simpson e equitabilidade. O índice de dominância apresentou correlação negativa com força mediana e significativa para alumínio e correlação positiva com força mediana e significativa para potássio. O Zircônio apresentou uma correlação fortemente positiva com o índice de Dominância e uma correlação negativa com os índices de Simpson, equitabilidade, Shannon e Margalef (Figura 4).

Figura 4 - Coeficiente de correlação de Pearson entre as variáveis microbiológicas e os atributos químicos e físicos do Planossolo e Luvissole, Itacuruba-PE, Brasil



(*) Indica que houve correlação significativa. PR – População Rizobiana, IR – Isolados Rizobianos, ID – Índice de Dominância, IS – Índice de Simpson. ISH – índice de Shannon, IM - Índice de Margalef, IE – Índice de Equitabilidade

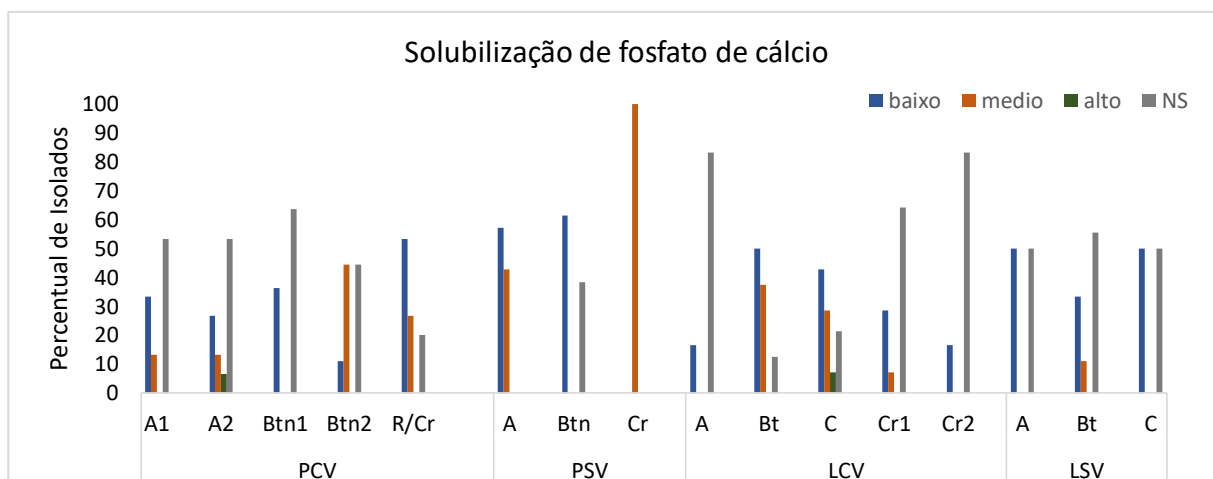
4.10 Solubilização de fosfato de cálcio e alumínio

Nenhum dos 158 isolados foi capaz de solubilizar o fosfato de alumínio, enquanto 58% desses isolados foram capazes de solubilizar fosfato de cálcio, além disso, 39% apresentaram índice de solubilização (IS) baixo, 18% IS médio e 1% apresentou IS alto. Todos os solos e horizontes estudados, em ambas as condições de presença ou ausência de vegetação apresentaram isolados bacterianos capazes de solubilizar fosfato de cálcio.

O Planossolo e o Luvissole com vegetação apresentaram isolados com IS alto, acima de 4,0 nos horizontes A2 e C. O Planossolo com vegetação apresentou maior percentagem de IS

médio para os horizontes Bt e Cr e o solo em desertificação para o A e R/Cr, já o Luvissole com vegetação apresentou a maior percentagem de IS médio para os horizontes Bt e C e o solo em desertificação para o horizonte Bt (Figura 5).

Figura 5 - Percentagem da solubilização de fosfato de cálcio pelos isolados bacterianos, obtidos ao longo de um perfil de Planossolo e de um Luvissole com vegetação e em desertificação, Itacuruba-PE, Brasil



De acordo com o IS obtido: (-) não solubiliza; IS < 2 baixo; IS 2 - 4 médio e IS > 4 alto

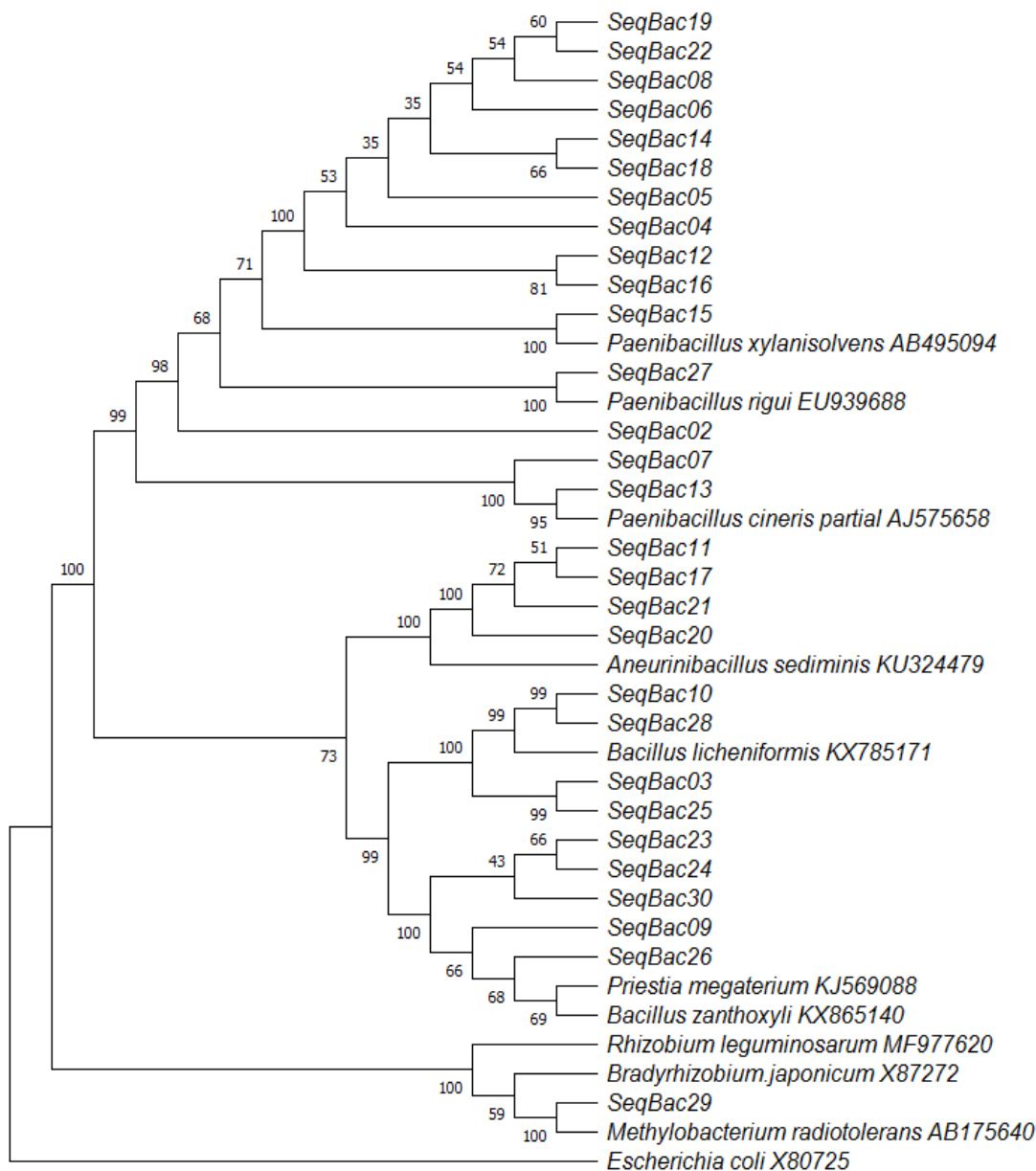
4.11 Sequenciamento do gene 16S rRNA dos isolados bacterianos

De acordo com a análise da sequência do gene 16S rRNA, foi observado que dos 30 isolados sequenciados 15 pertencem ao gênero *Paenibacillus*, 4 ao gênero *Bacillus*, 4 *Aneurinibacillus*, 5 *Priestia* e 1 ao gênero *Methylobacterium*. (Tabela 6 e Figura 6).

Tabela 6 - Identidade e cobertura das sequências de 16S rRNA comparadas com outras sequências depositadas no GenBank (NCBI)

Isolados	Local de Origem	ID	Filo	Classe	Espécie	Cobertura (%)	Identidade (%)	Acesso
3.2B	PCV	SeqBac02	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	98	93.00	EU939688
61.12	LSV	SeqBac03	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus licheniformis</i>	96	97.57	KX785171
21.14	PCV	SeqBac04	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	98	94.40	EU939688
89.1C	LCV	SeqBac05	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	96	94.79	EU939688
75.13	LCV	SeqBac06	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	98	94.34	EU939688
8.A	PCV	SeqBac07	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	94	92.97	EU939688
87.5	LCV	SeqBac08	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	96	94.29	EU939688
40.3C	PSV	SeqBac09	Firmicutes	Bacilli	<i>Priestia megaterium</i>	97	100,00	KJ569088
57.1	LSV	SeqBac10	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus licheniformis</i> <i>Aneurinibacillus</i> <i>sediminis</i>	83	97.14	KX785171
94.5A	LCV	SeqBac11	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	96	94.78	KU324479
15.1F	PCV	SeqBac12	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	95	95.03	EU939688
7.1A	PCV	SeqBac13	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	94	91.78	EU939688
25.5D	PCV	SeqBac14	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	99	93.33	EU939688
99.3C	LCV	SeqBac15	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	98	95.00	EU939688
49.1	LSV	SeqBac16	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i> <i>Aneurinibacillus</i> <i>sediminis</i>	94	94.79	EU939688
61.3B	LSV	SeqBac17	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	96	94.74	KU324479
1.4A	PCV	SeqBac18	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	97	94.43	EU939688
13.3A	PCV	SeqBac19	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i> <i>Aneurinibacillus</i> <i>sediminis</i>	98	94,67	EU939688
99.3A	LCV	SeqBac20	Firmicutes	Bacilli	<i>Aneurinibacillus</i> <i>sediminis</i>	96	94.74	KU324479
99.2A	LCV	SeqBac21	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	97	94.90	KU324479
61.3A	LSV	SeqBac22	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	98	94.43	EU939688
55.3A	LSV	SeqBac23	Firmicutes	Bacilli	<i>Priestia megaterium</i>	95	99.42	KJ569088
40.3D	PSV	SeqBac24	Firmicutes	Bacilli	<i>Priestia megaterium</i>	95	96.84	KJ569088
75.3	LCV	SeqBac25	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus licheniformis</i>	97	97.70	KX785171
65.3	LSV	SeqBac26	Firmicutes	Bacilli	<i>Priestia megaterium</i>	98	96.34	KJ569088
32.1C	PSV	SeqBac27	Firmicutes	Bacilli	<i>Paenibacillus rigui</i>	95	98.39	EU939688
94.6A	LCV	SeqBac28	Firmicutes	Bacilli	<i>Bacillus licheniformis</i> <i>Methylobacterium</i> <i>radiotolerans</i>	98	96.89	KX785171
7.12	PCV	SeqBac29	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	<i>Methylobacterium</i> <i>radiotolerans</i>	94	87.11	MF977620
4.2B	PCV	SeqBac30	Firmicutes	Bacilli	<i>Priestia megaterium</i>	96	95.86	KJ569088

Figura 6 - Árvore filogenética determinada pelo método neighbour-joining gerada a partir do parâmetro Kimura 2 e teste de bootstrap com 1000 repetições. Sequências do gene 16S rRNA dos isolados bacterianos de nódulos de feijão-caupi



4.12 Número de esporos, taxa de colonização em raízes de *Mimosa tenuiflora*, teor de fósforo da planta, PRGS-FE, PRGS-T e fósforo da biomassa microbiana em Luvissole e Planossolo com vegetação e em desertificação

Proteína relacionada a glomalina do solo facilmente extraível e total (PRGS-FE e PRGS-T) foram significativamente maiores no Luvissole, já o fósforo da biomassa microbiana foi significativamente superior no Planossolo. Não houve diferença significativa das variáveis estudadas em função da cobertura vegetal (Tabela 7).

Tabela 7 – Variáveis relacionadas aos FMA em Luvisso e Planossolo com a presença da vegetação e em desertificação, Itacuruba-PE, Brasil

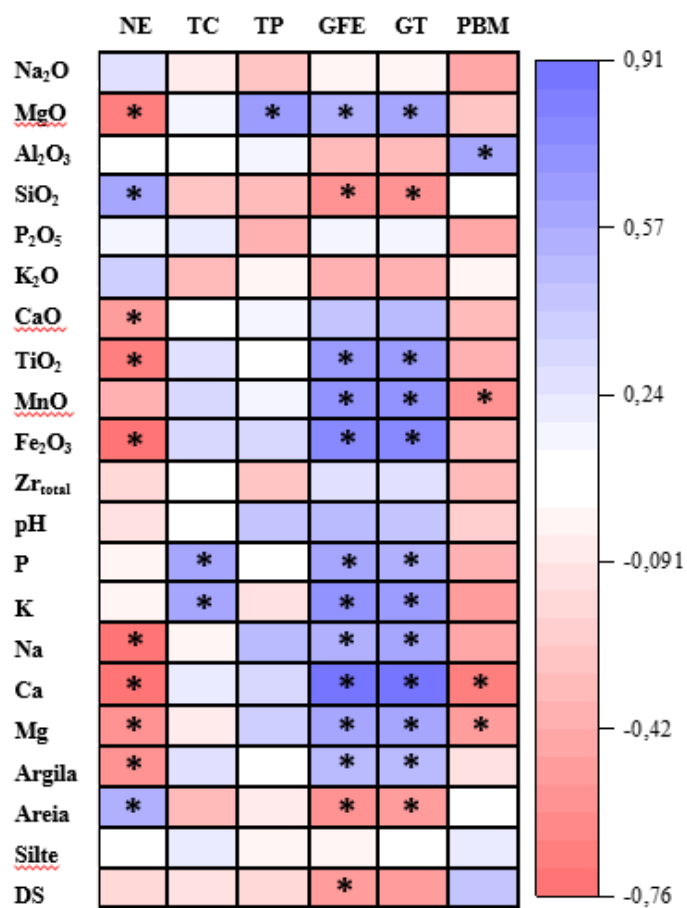
Variáveis	Luvisso	Planossolo	Pr>t	Com vegetação	Em desertificação	Pr>t
Nº de esporos (g.solo ⁻¹)	0,41	0,84	0,12	0,67	0,54	0,64
Colonização (%)	90,01	60,11	0,33	7,82	7,27	0,86
Teor de P (mg.kg ⁻¹)	390,60	389,70	0,98	389,60	391,00	0,97
PRGS-FE (mg.g ⁻¹)	0,18	0,02	<0,0001	0,09	0,11	0,72
PRGS-T (mg.g ⁻¹)	0,31	0,08	<0,0001	0,18	0,22	0,64
PBM (mg.Kg ⁻¹)	0,32	4,51	0,01	3,15	1,40	0,33

* Os valores em negrito são significativamente superiores pelo teste t de Student de acordo com a Probabilidade indicada na coluna apropriada. Proteína relacionada a glomalina do solo facilmente extraível (GFE), Proteína relacionada a glomalina do solo total (GT), Fósforo da biomassa microbiana (PBM)

Para o coeficiente de correlação de Pearson, o número de esporos apresentou uma correlação negativa com força mediana para Ca, Mg²⁺ e Argila e fortemente negativa para Mg, Ti, Fe, Na⁺ e Ca²⁺. Foi observado correlação positiva mediana para Si e areia. A taxa de colonização mostrou correlação positiva com força mediana para P e K⁺ (Figura 7).

O teor de P da planta apresentou uma correlação positiva com força mediana para Mg, já a proteína relacionada a glomalina do solo facilmente extraível e total foram medianamente negativos para Si e areia e força mediana e negativa para densidade do solo, porém positiva para Mg, Ti, P, Na⁺, Mg²⁺ e argila e fortemente positiva para Mn, Fe, K⁺, Ca⁺. O fósforo da biomassa microbiana apresentou uma correlação mediana e negativa para Mn e Mg²⁺ e fortemente negativo para Ca⁺. Com força mediana e positiva para Al (Figura 7).

Figura 7 - Coeficiente de correlação de Pearson entre as variáveis relacionadas aos FMA e os atributos químicos e físicos de Luvisolos e Planossolos, Itacuruba-PE, Brasil



(*) Indica que houve correlação significativa. NE – Número de Esporos, TC – Taxa de colonização, TP – Teor de fósforo da planta, GFE – Glomalina facilmente extraível, GT – Glomalina Total, PBM – fósforo da biomassa microbiana.

5 DISCUSSÃO

Um fator que pode ter contribuído para uma diminuição da população bacteriana em Luvisolos (Tabela 4 e 5) foi o processo de argiluviação, onde há uma translocação de partículas de argila de horizontes superficiais para os sub superficiais ao longo do perfil do solo. Como também o processo de lixiviação que pode induzir a migração dos sais solúveis e consequentemente afetar de forma negativa as comunidades microbianas desse solo (PIOTROWSKA-DŁUGOSZ et al., 2020).

Embora a hipótese contemplasse uma maior população rizobiana nos solos com vegetação em relação aos solos em desertificação, isso não ocorreu. Essa hipótese baseava-se que na presença dos vegetais, mesmo em ambientes degradados, as plantas liberassem uma variedade de exsudatos radiculares, como açúcares, ácidos orgânicos e metabólitos secundários, bem como polímeros complexos, como mucilagem, que seriam incorporados pelas bactérias. De fato, isso deve acontecer, mas particularmente não foi um fator decisivo na proporção dessa população bacteriana especificamente.

Além de apresentar uma maior fertilidade em relação aos Planossolos, os Luvisolos vegetados apresentaram maiores estoques de C e N (como observado por Santos et al., 2020), os quais sustentariam de forma mais eficaz o estabelecimento de comunidades bacterianas, pela maior imobilização de nutrientes essenciais ao desenvolvimento celular microbiano (SASSE; MARTINOIA; NORTHERN, 2018). No entanto, reforça-se que a presença da vegetação não teve efeito significativo superior na população bacteriana (Tabela 5). Portanto, as características químicas de ambos os solos estudados foram mais determinantes na população e diversidade bacteriana do que a presença da vegetação predominante do ambiente semiárido tropical.

De fato, os elementos Mg, Mn, Fe, Ca^{2+} , Mg^{2+} e o pH e argila são importantes para o metabolismo energético da população bacteriana, porém, altos teores dos mesmos podem afetar negativamente o desenvolvimento bacteriano, diminuindo o potencial reprodutivo (Figura 4). Resultados do presente estudo corroboram os dados obtidos por Pereira et al. (2022), que observaram que a presença do teor elevado de argila teve uma correlação negativa com a maioria dos filos microbianos, e que *Actinobacteria*, *Verrucomicrobia* e *Enttheonellaeota* apresentaram uma correlação negativa com pH, Ca^{2+} , Mg^{2+} . Pereira et al. (2022) também encontraram elevados teores de Ca^{2+} e Mg^{2+} em solo degradado e isso possivelmente foi determinante para a formação de uma comunidade microbiana distinta. Com predomínio de filos específicos mais representativos em ambientes hostis, onde a degradação do solo favorece

a seleção de grupos microbianos mais tolerantes aos estresses hídricos e /ou salinos (BATISTÃO et al., 2020).

No estudo de Bossolani et al. (2021), avaliando a aplicação de Ca como corretivo de acidez em solos do semiárido tropical ao longo de 17 anos, observou certa influência negativa nas propriedades físico-químicas do solo e comunidades bacterianas e fúngicas, com a diminuição de bactérias do gênero *Bradyrhizobium* e *Nitrobacter*, semelhantemente ao observado no presente estudo, cujos solos com maior teor de Ca^{2+} determinou uma diminuição da população rizobiana (Figura 4). As alterações do solo baseadas no conteúdo de Ca reduzem a pressão seletiva da disponibilidade de nutrientes sobre os micro-organismos (DAI et al., 2018; LEFF et al., 2015). Outro fator que pode influenciar a população bacteriana é o pH do solo, entretanto a neutralidade observada nos Luvisolos e Planossolos pode favorecer a multiplicação desses grupos microbianos ao longo do tempo (KOME et al., 2019).

Na correlação de Pearson (Figura 4) também foi observado influência da argila na população bacteriana. Isso no Luvisolo, pode estar ocorrendo devido as interações interfaciais entre partícula sólida, células bacterianas e substrato, que podem influenciar o metabolismo bacteriano. Uma vez que, os minerais têm grandes áreas de superfície específica e altas reatividades de superfície (RONG; HUANG; CHEN, 2007) e isso pode ter influenciado a uma menor população bacteriana no Luvisolo.

Outro fator que pode ter contribuído para uma correlação negativa da argila na população rizobiana foi a presença de partículas menores do que o das células bacterianas que interagem com as células microbianas por meio de forças eletrostáticas no sistema bactérias-mineral. As partículas de minerais de argila se ligam fortemente às superfícies de determinadas bactérias, como por exemplo *Shewanella putrefaciens* penetrando a parede celular e perfurando a camada peptidoglicano. Dessa forma, o mineral de argila firmemente ligado à superfície bacteriana poderiam não apenas reduzir a superfície disponível para absorção de nutrientes, mas também romper parede celular e provocar morte imediata da célula bacteriana (GLASAUER; LANGLEY; BEVEIDGE, 2001).

A correlação positiva do Si com a população rizobiana do solo (Figura 4) pode acontecer porque o silício estimula o crescimento microbiano mesmo sob condições ricas em nutrientes, e contribui para o estabelecimento de proteobactérias, pela presença em forma de silicatos hidrolisáveis mesmo em condições oligotróficas (WAINWRIGHT et al. 2003; WAINWRIGHT; AL-WAJEEH; GRAYSTON 1997). O aumento na população microbiana por silício também foi relatado nos trabalhos de Karunakaram et al. (2013) e Wainwright et al. (2003).

Hirota et al. (2010) também verificaram que bactérias que absorvem silicato foram filogeneticamente classificadas como pertencentes ao gênero *Bacillus* e que a absorção de silicato está relacionada à formação de esporos. O silicato é primeiramente incorporado na célula e depois acumulado no esporo, e a camada de Si confere resistência celular à estresses abióticos e bióticos, contribuindo positivamente para o aumento da população bacteriana em solos com elevado teor de Si, como é o caso do Planossolo estudado (Tabela 4 e Figura 4).

O estudo da biodiversidade microbiana é um parâmetro importante para avaliar a saúde do solo, e está diretamente relacionada à funcionalidade desse microbioma. Alguns elementos químicos contidos em minerais, como o alumínio podem ser tóxicos às plantas e aos microorganismos (UROZ; PICARD; TURPAULT, 2022), e assim, favorecer aqueles microorganismos que tenham mecanismos de sobrevivência aos ambientes degradados, como os formadores de endosporos.

No estudo de Fajardo et al. (2014) foi observada a incidência variável de nano partículas de alumínio na estrutura microbiana, promovendo o domínio de alguns grupos específicos, porém, diferentemente deste estudo que foi observado uma correlação positiva do Al com o índice de Simpson e Equitabilidade e negativa com o índice de dominância (Figura 4), isso independentemente do solo ou da presença da cobertura vegetal.

Possivelmente, essa correlação positiva do Al com os índices de diversidade (Figura 4) foi devido à alta produção de polissacarídeo extracelular usada para formar um biofilme mais robusto ao redor das células, restringindo a entrada de Al^{3+} adicional, uma vez que esse elemento é transportado para as células, usando mecanismos semelhantes ao do ferro. O alumínio também transmite efeitos nocivos sobre as bactérias do solo em uma ampla faixa de pH (WEKESA et al., 2022) e sua liberação pode ser através do intemperismo de aluminossilicatos em solos ácidos (UROZ; PICARD; TURPAULT, 2022). Portanto, o teor de Al favoreceu a diversidade bacteriana independentemente do tipo de solo ou presença da vegetação.

Na tabela 4 foi observado um teor elevado de K no Planossolo, e esse elemento apresentou uma correlação positiva para a dominância da população bacteriana estudada (Figura 4), apresentando um predomínio de bactérias do gênero *Paenibacillus* (Tabela 6 e Figura 6), que são capazes de solubilizar K (MIRANSARI, 2013). O potássio é um macro elemento essencial para todos os organismos vivos, pois mantém a pressão túrgida das células microbianas e vegetais, e a aquisição desse elemento é uma das respostas mais rápidas a um choque osmótico em bactérias. O potássio está presente principalmente como cátions intracelulares e é importante na manutenção da pressão de turgescência das células e na osmo-

adaptação bacteriana, expressão gênica, pH regulação e ativação de enzimas celulares (EPSTEIN 2003; MEENA et al, 2016).

Os solos contêm uma quantidade variável de minerais que constituem importante reserva de K^+ . O reservatório desse elemento na crosta terrestre está associado a silicatos de alumínio primário que são os minerais mais abundantes em K^+ , como o feldspato de K^+ , mica, biotita, muscovita e nefelina. Os silicatos de alumínio secundários, no entanto, compreendem mica hidratada (ilita) (BERTSCH; THOMAS 1985; RAWAT; SANWAL; SAXENA, 2016). Os feldspatos presentes em solos de clima semiárido são importantes fontes de Ca^{+2} , K^+ , Na^+ , constituindo fontes de minerais de argila para o solo (CÂMARA, 2021). Os teores de K, Si e Zr estão mais associados com Planossolos, e os atributos relacionados ao intemperismo em anfibólitos, como Fe, Al e o teor de argila estão mais associados aos Luvisolos (CÂMARA, 2021). Assim, como mostrado nesse estudo, o Planossolo tem um maior teor de K, favorecendo o predomínio de determinados grupos de bactérias produtoras de endosporos.

Foi observado também neste estudo, que o zircônio favoreceu um determinado grupo de bactérias e influenciou negativamente a diversidade bacteriana (Figura 4), ao contrário do relatado por Karunakaran et al. (2013), cujo estudo demonstrou que Zr não foi tóxico a comunidade bacteriana do solo, embora aqui não pode ser determinando o grau de toxidez desse elemento para comunidades microbianas.

Os resultados aqui encontrados demonstram que isolados bacterianos provenientes de solos formados de rocha ácida e básica do semiárido brasileiro foram capazes de solubilizar fosfato de cálcio insolúvel (Figura 5) e que os solos ainda vegetados apresentaram isolados com alto índice de solubilização e assim, podem ser potenciais promotores de crescimento vegetal. No estudo de Kuor et al. (2019) também foi observado uma cepa que solubiliza uma quantidade considerável de P sob as condições déficit hídrico. No entanto, reforça-se que ainda há necessidade de estudos posteriores para testar o desempenho desses isolados em plantas.

O uso de bactérias capazes de liberar prótons para solubilizar o fósforo ligado ao Ca^{2+} no solo para uso vegetal tem sido eficiente (KIRUI; NJERU; RUNO, 2022). A utilização dessas bactérias solubilizadoras de P também contribui para o aumento da eficiência na fixação de nitrogênio, auxiliando na disponibilização de outros elementos, estimulando a síntese de compostos como ferro, favorecendo a proteção contra patógenos do solo, auxiliando assim no crescimento das plantas e contribuindo para adaptação em ambientes de clima semiárido (KOUR et. al. 2019; HAMDALI et al.; 2008).

Com relação ao sequenciamento do gene 16S rRNA dos isolados bacterianos, foi observado uma predominância de bactérias pertencentes ao filo Firmicutes (*Bacillus*,

Paenibacillus, *Priestia* e *Aneurinibacillus*) (Tabela 6 e Figura 6). Nos estudos de Rocha et al. (2020) e Amorim et al. (2022), também foi observado a presença de Firmicutes em nódulos de caupi. O gênero *Bacillus* pertencente a esse filo pode atuar dentro dos nódulos contribuindo para o crescimento da planta (AMORIM et al., 2022), assim, a comunidade bacteriana presente nos nódulos pode beneficiar os vegetais além da fixação biológica de nitrogênio (AMORIM et al., 2022).

O gênero *Bacillus* tem células retas ou ligeiramente curvas, Gram-positivas, ou mesmo Gram-negativas em forma de bastonete, com extremidades arredondadas, as colônias apresentam características morfológicas muito variáveis de elevadas a convexas, pequenas a grandes, circulares à forma irregular e texturas lisas a ásperas com bordas inteiras a fimbriadas sob diferentes condições de crescimento (HARIRCHI et al., 2022). É uma rizobactéria promotora de crescimento em plantas e têm sido relatadas como produtora de ACC desaminase, contribuindo para o crescimento das plantas sob várias condições de estresse abiótico como inundação, seca, salinidade e metais pesados (GOWTHAM et al., 2020). *Bacillus* além de melhorar o crescimento das plantas, induz resistência contra doenças como a antracnose (GOWTHAM et al., 2018).

Paenibacillus também é uma rizobactéria promotora de crescimento em plantas através da produção de hormônios como auxina e citocinina, podem fixar nitrogênio, formadora de endósporo e tem sido descrita como um organismo de biocontrole contra vários patógenos vegetais, incluindo bactérias, fungos, oomicetos e nematoides. Um dos mecanismos de biocontrole é sua capacidade de formar biofilmes em torno das raízes de diversos hospedeiros, defendendo-os da interação com bactérias e fungos patogênicos. A inoculação com *Paenibacillus* também atua positivamente na expressão de genes envolvidos na resposta do ácido abscísico (ABA) em condições de seca (DA SILVA et al., 2022; LANGENDRIES, 2021).

O gênero *Priestia* inclui bactérias Gram-positivas em forma de bastonete, tem sido relatada como uma bactéria promotora do crescimento em diversas plantas. Mostrou capacidade de solubilizar o fósforo, apresenta genes relacionado a produção de sideróforos e são comumente identificadas como agentes de biocontrole (ORTEGA-URQUIETA et al., 2022).

Aneurinibacillus é um gênero de formação de esporos termo-tolerante e acidotolerante (HARIRCHI et al., 2022). Com potencial promotor de crescimento de plantas, são produtoras de ACC desaminase, AIA, solubilização de fosfato, sideróforo e produção de amônia em condições normais e salinas (GUPTA; PANDEY 2019).

Um isolado bacteriano foi identificado como *Methylobacterium*, e este gênero pertence à família Rhizobiales (Tabela 6 e Figura 6), composto por bactérias Gram-negativas e

geralmente com pigmentação rosa, devido à síntese carotenoides (ZHANG et al., 2021). Cepas de *Methylobacterium* em nódulos de feijão-caupi também foi relatado no estudo de Santos et al. (2022) e Palberg, et al., 2022 observaram que essas bactérias são capazes de produzir níveis mais altos de citocinina do que qualquer outra bactéria promotora de crescimento de planta, beneficiando assim, os hospedeiros vegetais. As citocinas são hormônios que estão envolvidos na divisão celular e alongamento, crescimento de brotos e absorção de nutrientes e aqui também poderão ser alvo de estudos mais aprofundados no que se refere aos benefícios de promoção de crescimento de plantas (PALBERG, et al., 2022).

Os maiores teores de K^+ , Ca^{2+} , Mg^{2+} , Mn, Fe, Mg e da argila no Luvisso solo contribuíram para maiores teores de glomalina relacionado a proteína do solo (GRPS) (Tabela 4 e 7), como também foi relatado por Gomes et al. (2021), os quais encontraram maiores concentrações de elementos como Mn, Mg, Ca e Fe e do teor de argila relacionados a maior teor de GRPS. Isso se deve ao fato da glomalina ser protegida por associação com minerais de argila e com isso sua decomposição é menor onde o teor de argila é maior (GOMES et al., 2021). Assim, a GRPS pode formar agregados ricos em Fe com partículas de argila e ter alta termoestabilidade (WANG et al., 2021), sendo importante na redução da erosão do solo, como ocorre nos núcleos de desertificação (GONZÁLEZ et al., 2021).

A correlação negativa da concentração de GRPS com a densidade do solo (D_s) (Figura 7), também já foi observada em outros trabalhos (ZHANG et al., 2017; WANG et al., 2015; VASCONCELLOS et al., 2016), A menor densidade de esporos encontrada no Luvisso solo provavelmente foi devido as concentrações de Ti, Fe, Na^+ , Ca^{2+} , Mg^{2+} e argila, como também relatado nos estudos de Feng et al. (2013) e Priyanka et al. (2017), onde indicam que o Fe e o Ti na forma de óxido, possivelmente pode ter afetado os FMA pelo prejuízo na germinação dos esporos fúngicos. A exposição de células ao Ti pode causar a degradação da parede celular fúngica, desestabilizar o ergosterol das membranas plasmáticas e ocorrer a perda de compostos intracelulares (AHMAD; ABDULLAH; YASIN, 2019).

A salinidade do Luvisso solo pode ter influenciado negativamente o número de esporos, como também já foi verificado por Delvian; Rambey et al. (2019) e isso se deve provavelmente ao desequilíbrio osmótico intracelular das células fúngicas, as quais podem romper e causar a morte do organismo. Teores elevados de Ca^{2+} e Mg^{2+} presentes no solo formado de rocha básica não favoreceu o fósforo da biomassa microbiana (PBM), sendo este parâmetro beneficiado pela natureza química do solo formado de rocha ácida (Planossolo).

A estimativa do P da biomassa microbiana foi significativamente maior nos Planossolos, em relação ao Luvisso solo, pois o horizonte pedogenético Bt acumula umidade e maiores

proporções de argila, mesmo em ambiente desertificado, onde a recuperação florística é mais difícil de ocorrer. Neves et al. (2020) encontraram maiores proporções de C e N da biomassa microbiana do solo neste mesmo horizonte, permitindo que concluir que o P da biomassa teve o mesmo comportamento.

6 CONCLUSÕES

Os solos formados por rocha ácida (Planossolo) apresentaram maior população bacteriana em relação aos solos formados de rocha básica (Luvissolos) e a presença de vegetação beneficiou os isolados bacterianos, os quais podem ser alvo de estudos referentes ao potencial de fixação biológica de nitrogênio em ambientes propícios a degradação.

Independentemente do tipo de solo abordado e da presença ou ausência de vegetação, a diversidade de bactérias foi elevada nessa região, abrindo caminho para novos estudos de comunidades tolerantes ao estresse hídrico ou salino em ambientes semiáridos tropicais.

Todos os solos e horizontes estudados apresentaram isolados bacterianos capazes de solubilizar fosfato de cálcio e a presença da vegetação favoreceu isolados com índice de solubilização alto, os quais podem ser benéficos na recuperação de ambientes deficientes em fósforo.

A maioria dos isolados sequenciados pertencem a gêneros de bactérias produtoras de endósporos, biofilmes, antibióticos e fatores de crescimento de planta, que provavelmente foram selecionados ao longo do tempo com o fator degradação do solo.

A natureza química e física do solo formado de rocha básica não favoreceu o aumento de esporos de FMA, independente da presença da vegetação, impulsionando positivamente a GRPS, podendo associar esse fator à recuperação de solos degradados, tendo em vista os benefícios que a glomalina possui como agente estabilizador de agregados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AASFAR, A.; BARGAZ, A.; YAAKOUBI, K.; HILALI, A.; BENNIS, I.; ZEROUAL, Y.; MEFTAH, K. I. Nitrogen Fixing Azotobacter Species as Potential Soil Biological Enhancers for Crop Nutrition and Yield Stability. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, 2021.

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.628379>

ADNAN, M.; FAHAD, S.; SALEEM, M.H.; ALI, B.; MUSSART, M.; ULLAH, R.; AMANULLAH JR.; ARIF, M.; AHMAD, M.; SHAH, W. A.; ROMMAN, M.; WAHID, F.; WANG, D.; SAUD, X.; LIU, K.; HARRISON, M.; T.; WU, C.; DINAMARQUÊS, S.; DATTA, R.; MURESAN, C. C.; MARC, R. A. Comparative efficacy of phosphorous supplements with phosphate solubilizing bacteria for optimizing wheat yield in calcareous soils. **Scientific Reports**, v. 12, p. 1-17, 2022. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-16035-3>

AGNIHOTRI, R.; SHARMA, M. P.; PRAKASH, A.; RAMESH, A.; BHATTACHARJYA, S.; PATRA, A. K.; MANNA, M. C.; KURGANOVA, I.; KUZYAKOV, Y. Glycoproteins of arbuscular mycorrhiza for soil carbon sequestration: Review of mechanisms and controls.

Science of The Total Environment, v. 806, 2022.

<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150571>

AMORIM, M. R.; MENDES, L. W.; ANTUNES, J. E. L.; OLIVEIRA, L. M. S.; MELO, V. M. M.; OLIVEIRA, F. A. S.; AQUINO, J. P. A.; ROCHA, S. M. B.; PEREIRA, A. P. A.; COSTA, A. F.; OLIVEIRA, J. P.; ARAUJO, F. F.; FIGUEIREDO, M. V. B. ARAUJO, A. S. F. Cowpea nodules host a similar bacterial community regardless of soil properties, *Applied Soil Ecology*, v. 172, p. 1-8, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.104354>

ARAÚJO FILHO, J. C. **Horizontes cimentados em Argissolos e Espodossolos dos tabuleiros costeiros e em Neossolos Regolíticos e Planossolos da depressão sertaneja no Nordeste do Brasil**. Universidade de São Paulo. Tese (doutorado). 223p., 2003.

ARAÚJO FILHO, J.C de ; BURGOS, N. ; LOPES, O. F. ; SILVA, F. H. B. B. da ; MEDEIROS, L. A. R ; MELO FILHO, H. F. R de ; PARAHYBA, R. B. V ; CAVALCANTI, A. C. ; OLVEIRA NETO, M. B. de ; SILVA, F. B. R. ; LEITE, A. P. ; SANTOS, J. C. P. ; SOUSA NETO, N. C. de ; SILVA, A. B. da ; LUZ, L. R. Q. P. ; REIS, R. M. G.; BARROS, A. H C . **Levantamento de reconhecimento de baixa e média intensidade dos solos do Estado de Pernambuco (escala 1:100.000)**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, Publicação da Embrapa Solos (Boletim de Pesquisa, 11), 2000.

ARAÚJO, A. S. F.; CESARZ, S.; LEITE, L. F. C.; BORGES, C. D.; TSAI, S. M.; EISENHAEUER, N. Soil microbial properties and temporal stability in degraded and restored lands of Northeast Brazil, *Soil Biology and Biochemistry*, v. 66, p. 175-181, 2013.

<https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2013.07.013>

ARAÚJO, V. L. V. P.; LIRA JUNIOR, M. A.; SOUZA JÚNIOR, V. S.; ARAÚJO FILHO, J. C.; FRACETTO, F. J. C.; ANDREOTE, F. D.; PEREIRA, A. P. A.; MENDES JÚNIOR, J. P.; BARROS, F. M. R; FRACETTO, G. G. M. Bacteria from tropical semiarid temporary ponds promote maize growth under hydric stress. **Microbiological Research**, v. 240, p. 1-10, 2020.

<https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126564>

ASABRASIL. **Semiárido - É no semiárido que a vida pulsa.** Disponível em: <https://asabrazil.org.br/semiariado> Acesso em: 04 de março 2022

BARDGETT, R. D.; VAN DER PUTTEN, W. H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning. **Nature**, v. 515, n. 7528, p. 505–511, 2014. <https://doi.org/10.1038/nature13855>

BATISTÃO, A. C.; HOLTHUSEN, D.; REICHERT, J. M.; PORTELA, J. C. S. Solution composition affects microstructure of tropical saline alluvial soils in semi-arid environment, **Soil and Tillage Research**, v. 203, p. 104662, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.still.2020.104662>

BERRAQUERO, F. R.; CORMENZANA, A. R.; BERRAQUERO, F. R.; CORMENZANA, A. R. **Establecimiento de índices para el estudio de la solubilización de fosfatos por bacterias del suelo**, 1976.

BERTSCH, P.M.; THOMAS, G. W. Potassium status of temperate region soils. **American Society of Agronomy, Crop Science Society of America, and Soil Science Society of America**, p 131–162. 1985. <https://doi.org/10.2134/1985.potassium.c7>

BOSSOLANI, J. W.; CRUSCIOL, C. A.C.; LEITE, M. F.A.; MERLOTI, L. F.; MORETTI, L. G.; PASCOALOTO, I. M.; KURAMAE, E. E. Modulation of the soil microbiome by long-term Ca-based soil amendments boosts soil organic carbon and physicochemical quality in a tropical no-till crop rotation system. **Soil Biology and Biochemistry**, v. 156, p. 1-15, 2021, <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2021.108188>

BRADFORD, M. M. A Rapid and Sensitive Method for the Quantitation Microgram Quantities of Protein Utilizing the Principle of Protein-Dye Binding. **Analytical Biochemistry**, v. 254, p. 248–254, 1976.

BRASIL, S. D. A.-M. A. P. A. Instrução Normativa N°13, de 24 de março de 2011. **Diário Oficial da União - Seção 1**, p. 3-7, 2011.

BRASIL. **Ministério do Interior. Mapa geológico: escala 1:25.000.000.** Recife: SUDENE, 1974.

BRIONES, A.M. JR, REICHARDT, W. Estimating microbial population counts by 'most probable number' using Microsoft Excel. **Journal of microbiological methods**, v. 35, p.157-161. 1999. [https://doi:10.1016/s0167-7012\(98\)001111-0.10192048](https://doi:10.1016/s0167-7012(98)001111-0.10192048)

BUZÓ, L. H. N. **Potencial biotecnológico de bactérias Solubilizadoras de fosfato de planossolos e Luvisolos do nordeste brasileiro.** Tese (Doutor em Ciência do Solo) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 139 p., 2021.

CÂMARA, E.R.G.; SANTOS, J.C.B.; ARAÚJO FILHO, J.C.; SCHULZE, S.M.B.B.; CORRÊA, M.M.; FERREIRA, T.O.; SOUSA, J.E.S.; SOUZA JÚNIOR, V.S. Parent rock–pedogenesis relationship: how the weathering of metamorphic rocks influences the genesis of Planosols and Luvisols under a semi-arid climate in NE Brazil. **Geoderma** v. 385, 114878, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2020.114878>

CHIBEBA, A.M.; PEREIRA, C.S.; ANTUNES, J.E.L.; RIBEIRO, R.A.; LOPES, A.C.A., GOMES, R.L.F.; HUNGRIA, M.; ARAUJO, A.S.F. Polyphasic characterization of nitrogen-fixing and co-resident bacteria in nodules of *Phaseolus lunatus* inoculated with soils from Piauí State, Northeast Brazil. **Symbiosis**, v. 80, p. 279–292, 2020. <https://doi.org/10.1007/s13199-020-00672-1>

CHIDEBE, I.N.; JAISWAL, S.K.; DAKORA, F.D. Distribution and phylogeny of microsymbionts associated with the cowpea nodule (*Vigna unguiculata*) in three agroecological regions of Mozambique. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 84, 2018. <https://doi.org/10.1128/AEM.01712-17>

COMPANT, S.; DUFFY, B.; NOWAK, J.; CLÉMENT, C.; BARKA, E.A. Use of plant growth-promoting bacteria for biocontrol of plant diseases: principles, mechanisms of action, and future prospects. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 71, p. 4951–4959, 2005. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.9.4951-4959.2005>

CPRM. **Projeto Cadastro das fontes de Abastecimento por água Subterrânea – Diagnóstico do Município de Itacuruba-PE- Recife**, 2005.

DAI, Z.; SU, W.; CHEN, H.; BARBERÁN, A.; ZHAO, H.; YU, M.; YU, L.; BROOKES, P.C.; SCHADT, C.W.; CHANG, S.X.; XU, J. Long-term nitrogen fertilization decreases bacterial diversity and favors the growth of Actinobacteria and Proteobacteria in agro-ecosystems across the globe. **Global Change Biology**, v. 24, p. 3452–3461, 2018. <https://doi.org/10.1111/gcb.14163>

DANCEY, C.; REIDY, J. **Estatística Sem Matemática para Psicologia**. Penso Editora, 7.ed., p. 169–210, 2019.

DA SILVA, M.B.F.; LEMOS, E.A.; VOLLÚ, R.E.; ABREU, F.; ROSADO, A. S.; SELDIN, L. *Paenibacillus piscarius* sp. nov., a novel nitrogen-fixing species isolated from the gut of the armored catfish *Parotocinclus maculicauda*. **Antonie van Leeuwenhoek**, v. 115, p. 155–165, 2022. <https://doi.org/10.1007/s10482-021-01694-5>

DELAMUTA, J.R.M.; MENNA, P.; RIBEIRO, R. A.; HUNGRIA, M. Phylogenies of symbiotic genes of Bradyrhizobium symbionts of legumes of economic and environmental importance in Brazil support the definition of the new symbiovars pachyrhizi and sojae. **Systematic and Applied Microbiology**, v. 40, p. 254–265, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2017.04.005>

DÉNARIÉ, J.; DEBELLÉ, F.; PROMÉ, J.C. (1996). Fatores de nodulação de lipochitooligosacarídeo de rhizobium: moléculas de sinalização mediando reconhecimento e morfogênese. **Annual Reviews of Biochemistry**, v. 65, p.503–535, 1996. <https://www.annualreviews.org/doi/10.1146/annurev.bi.65.070196.002443>

EMBRAPA. **Manual de análises químicas de solos, plantas e fertilizantes**. 2da ed. 627 p, 2009.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Manual de métodos de análise de solos**. 3. ed. Brasília, DF. 575p. 2017.

EMBRAPA. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5ª Edição rev. e ampl. Brasília, DF, 590 p. 2018.

EPSTEIN, W. The roles and regulation of potassium in bacteria. **Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology**, v. 75, p. 293–320, 2003. [https://doi.org/10.1016/s0079-6603\(03\)75008-9](https://doi.org/10.1016/s0079-6603(03)75008-9)

ERCOLE, T.G.; SAVI, D.C.; ADAMOSKI, D.; KAVA, V. M.; HUNGRIA, M.; GALLI-TERASAWA, L. V. Diversity of maize (*Zea mays* L.) rhizobacteria with potential to promote plant growth. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 52, p. 1807–1823, 2021. <https://doi.org/10.1007/s42770-021-00596-y>

ETESAMI H.; JEONG, B.R.; GLICK, B.R. Contribution of Arbuscular Mycorrhizal Fungi, Phosphate–Solubilizing Bacteria, and Silicon to P Uptake by Plant. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 1-29, 2021. <https://doi:10.3389/fpls.2021.699618>

ETESAMI, H. Root nodules of legumes: A suitable ecological niche for isolating non-rhizobial bacteria with biotechnological potential in agriculture. **Current Research in Biotechnology**, v. 4, p. 78-86, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.crbiot.2022.01.003>

FENG, Y.; CUI, X.; HE, S.; DONG, G.; CHEN, M.; WANG, J.; LIN, X. Addition to The Role of Metal Nanoparticles in Influencing Arbuscular Mycorrhizal Fungi Effects on Plant Growth. **Environmental Science & Technology**, v. 47, p. 9496–9504, 2013. <https://doi.org/10.1021/es403789p>

FERNANDES, M. F.; QUEIROZ, L. P. Vegetação e flora da Caatinga. **Ciência e Cultura**. V. 70(4), p.52-56, 2018. <https://doi:10.21800/2317-66602018000400014>

GASMI, M., KITOUNI, M., CARRO, L.; PUJIC, P.; NORMAND, P.; BOUBAKRI, H. Chitinolytic actinobacteria isolated from an Algerian semi-arid soil: development of an antifungal chitinase-dependent assay and GH18 chitinase gene identification. **Annals of Microbiology**, v. 69, p. 395–405, 2019. <https://doi.org/10.1007/s13213-018-1426-z>

GERDEMANN, J. W., NICOLSON, T. H. SPORES OF MYCORRHIZAL ENDOGONE SPECIES EXTRACTED FROM SOIL BY WET SIEVING AND DECANTING. **Transactions of the British Mycological Society**, United States of America, v. 46, p. 235–244, 1963. [http://dx.doi.org/10.1016/S0007-1536\(63\)80079-0](http://dx.doi.org/10.1016/S0007-1536(63)80079-0)

GIOVANNETTI, M.; MOSSE, B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots. **New Phytologist**, v. 84, p. 489–500, 1980. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.1980.tb04556.x>

GIULIETTI, A.M.; DU, B. N. A.L.; CASTRO, A. A. J. F.; GAMARRA-ROJAS, C. F. L.; SAMPAIO, E. V. S. B.; VIRGÍNIO, J. F.; QUEIROZ, L.P.; FIGUEIREDO, M.A.; RODAL, M.J.N.; BARBOSA, M.R.V.; HARLEY, R.M.; **Diagnóstico da floresta nativa do bioma Caatinga**. In: SILVA, J. M. C.; TABARELLI, M.; FONSECA, M.T.; LINS, L.V.; Biodiversidade da Caatinga: áreas e ações prioritárias para a conservação. 1ª ed. MMA, UFPE. 2004. 58 p. Embrapa Semiárido, Brasília.

GLASAUER, G.; LANGLEY, S.; BEVEIDGE, T.J. Sorption of Fe (Hydr)oxides to the surfaces of *Shewanella putrefaciens*: cell-bound fine-grained minerals are not always formed De Novo. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 67, p. 5544-5550, 2001. <https://doi.org/10.1128/AEM.67.12.5544-5550.2001>

GOMES, V.M.; ASSIS, I.R.; HOBBS, R.J.; FERNANDES, G. W. Glomalin-Related Soil Protein Reflects the Heterogeneity of Substrate and Vegetation in the campo rupestre Ecosystem. **Journal of Soil Science and Plant Nutrition**, v. 21, p. 733-743, 2021. <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00396-7>

GONZÁLEZ, M. J. C.; GARCÍA, M. G. A.; BORSELLI, L.; MEZA, J. V. G. Glomalin-related soil protein analysis and its role in erodibility in a semiarid zone in San Luis Potosi, Mexico, **CATENA**, v. 203, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105351>

GOWTHAM, H.G.; MURALI, M.; SINGH, S.B.; LAKSHMEESHA, T.R.; MURTHY, K. N.; AMRUTHESH, K.N.; NIRANJANA, S.R. Plant growth promoting rhizobacteria- *Bacillus amyloliquefaciens* improves plant growth and induces resistance in chilli against anthracnose disease, **Biological Control**, v. 126, p. 209-217, 2018, <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2018.05.022>

GOWTHAM, H.G.; BRIJESH, S. S.; MURALI, M., SHILPA, N.; MELVIN, P.; MOHAMMED, A.; AMRUTHESH, K.N.; NIRANJANA, S.R. Induction of drought tolerance in tomato upon the application of ACC deaminase producing plant growth promoting rhizobacterium *Bacillus subtilis* Rhizo SF 48, **Microbiological Research**, v. 234, p. 1-11, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2020.126422>

GUPTA, S.; PANDEY, S. ACC Deaminase Producing Bacteria With Multifarious Plant Growth Promoting Traits Alleviates Salinity Stress in French Bean (*Phaseolus vulgaris*) Plants. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, p.1-17, 2019. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01506>

HAMDALI, H.; HAFIDI, M.; VIROLLE, M.J.; OUHDOUCH, Y. Rock phosphate-solubilizing actinomycetes: screening for plant growth-promoting activities. **World J Microbiol Biotechnol**, p. 24, p. 2565–2575, 2008. <https://doi.org/10.1007/s11274-008-9817-0>

HAMMER, O.; HARPER, D.A.T.; RYAN, P.D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. **Palaeontologia Electronica**, Amherst. 2001.

HARA, F. A. DOS S.; OLIVEIRA, L. A. DE. Características fisiológicas e ecológicas de isolados de rizóbios oriundos de solos ácidos e álicos de Presidente Figueiredo, Amazonas. **Acta Amazonica**, Manaus, v. 40, p. 343–357, 2005. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2005000700007>

HERAS, J.; DOMÍNGUEZ, C.; MATA, E.; PASCUAL, V.; LOZANO, C.; TORRES, C.; ZARAZAGA, M. GelJ--a tool for analyzing DNA fingerprint gel images. **BMC Bioinformatics**, v. 16, 2015. <https://doi.org/10.1186/s12859-015-0703-0>

HARIRCHI, S.; SAR, T.; RAMEZANI, M.; ALIYU, H.; ETEMADIFAR, Z.; NOJOURI, S.A.; YAZDIAN, F.; AWASTHI, M.K.; TAHERZADEH, M.J. Bacillales: From Taxonomy to Biotechnological and Industrial Perspectives. **Microorganisms**, v. 10, p. 2355, 2022. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10122355>

HIROTA, R.; HATA, Y.; IKEDA, T.; ISHIDA, T.; KURODA, A. The Silicon Layer Supports Acid Resistance of *Bacillus cereus* Spores. **Journal of Bacteriology**, v. 192, p. 111-116, 2010. <https://doi.org/10.1128/JB.00954-09>

HOAGLAND, D.R.; ARNON, D. I. The water culture method for growing plants without soils. **Berkeley: California Agricultural Experimental Station**, v. 347, 32 p., 1950.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Manual Técnico de Pedologia**. 3. ed. Rio de Janeiro. (Manuais Técnicos em Geociências, 4). 2015. <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/livros/liv95017.pdf>

INSA. **Instituto Nacional do Semiárido**. Disponível em: <https://www.gov.br/insa/pt-br/semiario-brasileiro>. Acesso em: 04 de março 2022.

IPS, J. M.; HAYMAN, D.S. Improved procedures for clearing and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 55, p. 158–161, 1970. [https://doi.org/10.1016/S0007-1536\(70\)80110-3](https://doi.org/10.1016/S0007-1536(70)80110-3)

ISLAM, K.R.; WEIL, R.R. Microwave irradiation of soil for routine measurement of microbial biomass carbon. **Biology and Fertility of Soils**, v. 27, p. 408-416, 1998. <https://doi.org/10.1007/s003740050451>

JOHNSON, N.C. Resource stoichiometry elucidates the structure and function of arbuscular mycorrhizas across scales. **New Phytologist**, v. 185, p. 631–647, 2010. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2009.03110.x>

KARUNAKARAN, G.; SURIYAPRABHA, R.; MANIVASAKAN, P.; YUVAKKUMAR, R.; RAJENDRAN, V.; PRABU, P.; KANNAN, N. Effect of nanosilica and silicon sources on plant growth promoting rhizobacteria, soil nutrients and maize seed germination. **IET Nanobiotechnol**, V. 7, p.70-77, 2013. <https://doi.org/10.1049/iet-nbt.2012.0048>

KARUNAKARAN, G.; SURIYAPRABHA, R.; MANIVASAKAN, P.; YUVAKKUMAR, R.; RAJENDRAN, V.; KANNAN, N. Impact of nano and bulk ZrO₂, TiO₂ particles on soil nutrient content and PGPR. **Journal of Nanoscience and Nanotechnology**, v. 13, 678–685, 2013. <https://doi.org/10.1166/jnn.2013.6880.23646796>

KASCHUK, G.; HUNGRIA, M.; ANDRADE, D.S.; CAMPO, R.J. Genetic diversity of rhizobia associated with common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) grown under no-tillage and conventional systems in Southern Brazil. **Applied Soil Ecology**, v. 32, p. 210–220, 2006. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2005.06.008>

KIMURA, M. (1980) A Simple Method for Estimating Evolutionary Rate of Base Substitutions through Comparative Studies of Nucleotide Sequences. **Journal of Molecular Evolution**, v. 16, p. 111-120, 1980. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>

KIRUI, C.K.; NJERU, E.M.; RUNO, S. Diversity and Phosphate Solubilization Efficiency of Phosphate Solubilizing Bacteria Isolated from Semi-Arid Agroecosystems of Eastern Kenya. **Microbiologia Insights**, v. 15, p. 1–12, 2022. <https://doi.org/10.1177/11786361221088991>

KOME, G. K.; ENANG, R. K.; TABI, F. O.; YERIMA, B. P. K. Influence of Clay Minerals on Some Soil Fertility Attributes: A Review. **Open Journal of Soil Science**, v. 9, p. 155-188, 2019. <https://www.scirp.org/journal/ojss>

KOUR, D.; RANA, K. L.; SHEIKH, I.; KUMAR, V.; YADAV, A. N.; DHALIWAL, H. S.; SAXENA, A. K. Alleviation of Drought Stress and Plant Growth Promotion by *Pseudomonas libanensis* EU-LWNA-33, a Drought-Adaptive Phosphorus-Solubilizing Bacterium. **Procedimentos da Academia Nacional de Ciências**, v. 90, p. 785-795, 2020. <https://doi.org/10.1007/s40011-019-01151-4>

KOUR, D.; RANA, K.L.; YADAV, N.; YADAV, A.N.; KUMAR, A.; MEENA, V.S.; SINGH, B.; CHAUHAN, V.S.; DHALIWA, L H.S.; SAXENA, A.K. Rhizospheric microbiomes: biodiversity, mechanisms of plant growth promotion, and biotechnological applications for sustainable agriculture. In: Kumar A, Meena VS (eds) Plant growth promoting rhizobacteria for agricultural sustainability: from theory to practices. **Springer**, p. 19–65, 2019. <https://doi.org/10.1007/978-981-13-7553-82>

KUMAR, S.; DIKSHA, SINDHU, S. S.; KUMAR, R. Biofertilizers: An ecofriendly technology for nutrient recycling and environmental sustainability. **Journal: Current Research in Microbial Sciences**, v. 3, p. 100094, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.crmicr.2021.100094>

LANE, D.J. 16S/23S rRNA Sequencing. In: Stackebrandt, E. and Goodfellow, M., Eds., Nucleic Acid Techniques in Bacterial Systematic, **John Wiley and Sons**, p. 115-175, 1991.

LANGENDRIES, S.; GOORMACHTIG, S. *Paenibacillus polymyxa*, a Jack of all trades **Microbiol Ambiental**, v. 23, p. 5659–5669. 2021. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15450>

LEFF, J.W.; JONES, S.E.; PROBER, S.M.; BARBERÁN, A.; BORER, E.T.; FIRN, J.L.; HARPOLE, W.S.; HOBBI, S.E.; HOFMOCKEL, K.S.; KNOPS, J.M.H.; MCCULLEY, R.L.; LA PIERRE, K.; RISCH, A.C.; SEABLOOM, E.W.; SCHÜTZ, M.; STEENBOCK, C.; STEVENS, C.J.; FIERER, N. Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 112, p. 10967-10972, 2015. <https://doi.org/10.1073/pnas.1508382112>

LEITE, J.; FISCHER, D.; ROUWS, L. F. M.; FERNANDES-JÚNIOR, P.I.; HOFMANN, A.; KUBLIK, S.; SCHLOTTER, M.; XAVIER, G. R.; RADL, V. Cowpea Nodules Harbor Non-rhizobial Bacterial Communities that Are Shaped by Soil Type Rather than Plant Genotype. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, p. 1-11, 2017. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.02064>

LEITE, J.; PASSOS, S. R.; SIMÕES-ARAÚJO, J. L.; RUMJANEK, N. G.; XAVIER, G. R.; ZILLI, J. É. Genomic identification and characterization of the elite strains *Bradyrhizobium yuanningense* BR 3267 and *Bradyrhizobium pachyrhizi* BR 3262 recommended for cowpea inoculation in Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 49, p. 703-713, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.bjbm.2017.01.007>

LIU, Y.; GUO, Z.; SHI, H. Rhizobium Symbiosis leads to increased drought tolerance in Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.). **Agronomy**, v. 12, 11 p., 2022. <https://doi.org/10.3390/agronomy12030725>

MA, X.; GENG, Q.; ZHANG, H.; BIAN, C.; CHEN, H. Y. H.; JIANG, D.; XU, X. Global negative effects of nutrient enrichment on arbuscular mycorrhizal fungi, plant diversity and ecosystem multifunctionality. **New Phytologist**, p. 229, p. 2957–2969, 2021. <https://doi.org/10.1111/nph.17077>

MARINHO, F.; OEHL, F.; SILVA, I. R.; COYNE, D.; VERAS, J. S. N.; MAIA, L. C. High diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in natural and anthropized sites of a Brazilian tropical dry forest (Caatinga). **Fungal Ecology**, v. 40, p. 82-91, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2018.11.014>

MEENA, V. S.; BAHADUR, I.; MAURYA, B. R.; KUMAR, A.; MEENA, R. K.; MEENA, S. K.; VERMA, J. P. Potassium-Solubilizing Microorganism in Evergreen Agriculture: An Overview. **Springer**, p. 1-20, 2016. https://doi.org/10.1007/978-81-322-2776-2_1

MENDONÇA, E. S.; MATOS, E. S. **Matéria Orgânica do Solo: Métodos de Análises**. Viçosa, UFV, 2ª Ed., p. 154-169, 2017.

MERGULHÃO, A. C. E. S.; OLIVEIRA, J. P.; BURITY, H. A.; MAIA, L. C. Potencial de infectividade de fungos micorrízicos arbusculares em áreas nativas e impactadas por mineração gesseira no semi-árido brasileiro. **Hoehnea**, v. 34, p. 341-348, 2007. <https://doi.org/10.1590/S2236-89062007000300005>

MIRANSARI, M. Soil microbes and the availability of soil nutrients. **Acta Physiol Plant**, v. 35, p. 3075–3084, 2013. <https://doi.org/10.1007/s11738-013-1338-2>

MOURA, F.T.; RIBEIRO, R.A.; HELENE, L.C.F; NOGUEIRA, M. A.; HUNGRIA, M. So many rhizobial partners, so little nitrogen fixed: The intriguing symbiotic promiscuity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Symbiosis**, v. 86, p. 169-185, 2022. <https://doi.org/10.1007/s13199-022-00831-6>

NEVES, L. V. M. W.; FRACETTO, F. J. C.; FRACETTO, G. G. M.; ARAÚJO FILHO, J. C.; ARAUJO, J. K. S.; SANTOS, J. C. B.; MENDES JÚNIOR, J. P.; SOUZA JÚNIOR, V. S. Microbial abundance and C and N stocks in tropical degraded Planosols from semiarid northeastern Brazil, **Catena**, v. 196, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2020.104931>

OLDROYD, G. E. D. Speak, friend, and enter : signalling systems that promote beneficial symbiotic associations in plants. **Nature Publishing Group**, v. 11, p. 252–263, 2013. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2990>

OLIVEIRA FILHO, J. S.; J. VIEIRA, N.; SILVA, E. M. R.; OLIVEIRA, J. G. B.; PEREIRA, M. G.; BRASILEIRO, F. G. Assessing the effects of 17 years of grazing exclusion in degraded semi-arid soils: Evaluation of soil fertility, nutrients pools and stoichiometry. **Journal of Arid Environments**, v. 166, p. 1-10, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2019.03.006>

OLIVEIRA, J. B.; JACOMINE, P. K. T.; CAMARGO, M. N. **Classes gerais de solos no Brasil: guia auxiliar para o seu reconhecimento**. Jaboticabal: FUNEP, p. 17-29, 1992.

ORTEGA-URQUIETA, M.E.; VALENZUELA-RUÍZ, V.; MITRA, D.; HYDER, S.; ELSHEERY, N.I.; KUMAR DAS MOHAPATRA, P.; PARRA-COTA, F.I.; DE LOS SANTOS-VILLALOBOS, S. Draft Genome Sequence of *Priestia* sp. Strain TSO9, a Plant Growth-Promoting Bacterium Associated with Wheat (*Triticum turgidum* subsp. durum) in the Yaqui Valley, Mexico. **Plants**, v. 11, p. 2231. 2022.
<https://doi.org/10.3390/plants11172231>

OLIVEIRA, T.S., COSTA, L.M., CRUZ, C.D., HORN, H. A. Metais pesados como indicadores de materiais de origem em uma topolitosequência do Triângulo Mineiro, estado de Minas Gerais. **Perquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, p. 1451–1465, 1999.

PALBERG, D., KISIAŁA, A., JORGE, G.L., EMERY, R. J. N. A survey of Methylobacterium species and strains reveals widespread production and varying profiles of cytokinin phytohormones. **BMC Microbiol**, v. 22, p.49, 2022.
<https://doi.org/10.1186/s12866-022-02454-9>

PAN, X.; ZHANG, S.; ZHONG, Q.; GONG, G.; WANG, G. GUO, X.; XU, X. Effects of soil chemical properties and fractions of Pb, Cd, and Zn on bacterial and fungal communities, *Science of The Total Environment*, v. 715, p. 1-10, 2020,
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.136904>

PEREIRA, A. P. A.; MENDES, L. W.; OLIVEIRA, F. A. S.; ANTUNES, J. E. L.; MELO, V. M. M.; ARAUJO, A. S. F. Land degradation affects the microbial communities in the Brazilian Caatinga biome, **Catena**, v. 211, 2022.
<https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105961>

PEREZ -MARIN, A.M.; CAVALCANTE, A. M.B.; MEDEIROS, S.S.; TINÔCO, L.B.M.; SALCEDO, I.H. Núcleos de desertificação no semiárido brasileiro: ocorrência natural ou antrópica? **Parcerias Estratégicas**. Brasília - DF. v. 17 p. 87 -106, 2012.

PIOTROWSKA-DŁUGOSZ, A.; DŁUGOSZ, J.; GRYTA, A.; FRAC, M. Responses of N-Cycling Enzyme Activities and Functional Diversity of Soil Microorganisms to Soil Depth, Pedogenic Processes and Cultivated Plants. **Agronomy**, v. 12, p. 1-26. 2022,
<https://doi.org/10.3390/agronomy12020264>

PRIYANKA, K. P.; HARIKUMAR, V. S.; BALAKRISHNA, K. M.; VARGHESE, T. Inhibitory effect of TiO₂ NPs on symbiotic arbuscular mycorrhizal fungi in plant roots. *IET Nanobiotechnol*, v. 11, p. 66-70, 2017. <https://doi.org/10.1049/iet-nbt.2016.0032>

QI, S.; WANG, J.; WAN, L.; DAI, Z.; DA SILVA, M. D. M.; DU, D.; EGAN, S.; BONSER, S. P.; THOMAS, T.; MOLES, A. T. Arbuscular Mycorrhizal Fungi Contribute to Phosphorous Uptake and Allocation Strategies of *Solidago canadensis* in a Phosphorous-Deficient Environment. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1-11, 2022.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2022.831654>

RAWAT, J.; SANWAL, P.; SAXENA, J. Potassium and Its Role in Sustainable Agriculture. **Springer**, p. 235-253. https://doi.org/10.1007/978-81-322-2776-2_17

REDECKER, D.; SCHÜSSLER, A.; STOCKINGER, H. An evidence-based consensus for the classification of arbuscular mycorrhizal fungi (*Glomeromycota*). **Mycorrhiza**, p. 515–531, 2013. <https://doi.org/10.1007/s00572-013-0486-y>

RIBEIRO, I. D. A.; VOLPIANO, C. G.; VARGAS, L. K.; GRANADA, C. E.; LISBOA, B. B.; PASSAGLIA, L. M. P. Use of Mineral Weathering Bacteria to Enhance Nutrient Availability in Crops: A Review. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, 20p., 2020. <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2020.590774>

ROCHA, S. M. B.; MENDES, L. W.; OLIVEIRA, L. M. S.; MELO, V. M. M.; ANTUNES, J. E. L.; ARAUJO, F. F.; HUNGRIA, M. ARAUJO, A. S. F. Nodule microbiome from cowpea and lima bean grown in composted tannery sludge-treated soil, **Applied Soil Ecology**, v. 151, p. 1-7, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2020.103542>

RONG, X.; HUANG, Q.; CHEN, W. Microcalorimetric investigation on the metabolic activity of *Bacillus thuringiensis* as influenced by kaolinite, montmorillonite and goethite, **Applied Clay Science**, v. 38, p. 97-103, 2007. <https://doi.org/10.1016/j.clay.2007.01.015>

RUGHÖFT, S., HERRMANN, M., LAZAR, C. S., CESARZ, S., LEVICK, S. R., TRUMBORE, S. E., KÜSEL, K. Community Composition and Abundance of Bacterial , Archaeal and Nitrifying Populations in Savanna Soils on Contrasting Bedrock Material in Kruger National Park , South Africa. **Frontiers in Microbiology**, v. 7, p. 1–16, 2016. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01638>

SANTOS, A. B.; FRACETTO, G. G. M.; FRACETTO, F. J. C.; LIRA JUNIOR, M. A. Rhizobial diversity in shrub-tree legume-based silvopastoral systems. **Bragantia**, v. 81, p. 1-13, 2022. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20210336>

SANTOS, H. G. et al. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. rev. e ampl. Brasília, DF: Embrapa, 356p. 2018. [SiBCS2018ISBN9788570358004.pdf](https://doi.org/10.1590/1678-4499.20210336)

SANTOS, T. O.; FRACETTO, F. J. C.; SOUZA JÚNIOR, V. S.; ARAÚJO FILHO, J. C.; LIRA JUNIOR, M. A.; MENDES JÚNIOR, J. P.; SIQUEIRA NETO, M.; SILVA, Y. R. O.; BARROS, F. M. R.; FRACETTO, G. G. M. Carbon and nitrogen stocks and microbial indicators in tropical semiarid degraded Luvisols, **Catena**, v. 210, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105885>

SANTOS, T. O.; FRACETTO, F. J. C.; SOUZA JÚNIOR, V. S.; ARAÚJO FILHO, J. C.; LIRA JUNIOR, M. A.; MENDES JÚNIOR, J. P.; SIQUEIRA NETO, M.; SILVA, Y. R. O.; BARROS, F. M. R.; FRACETTO, G. G. M. Carbon and nitrogen stocks and microbial indicators in tropical semiarid degraded Luvisols, **Catena**, v. 210, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105885>

SARAIVA, S. M.; FRAGA, V. da S.; ARAUJO FILHO, J. C. de.; SANTOS, R. F. dos.; FELIX, E. dos S.; CAMPOS, M. C.; DIAS, B. de S.; CARNEIRO, K. A. A. Caracterização de Planossolos nátricos em um gradiente pluviométrico no Semiárido brasileiro. In: RIBEIRO, J. C. (org.). Educação em solos e meio ambiente. **Atena Editora**, cap. 1, p. 1-13. Ponta Grossa. 2021. <http://doi.org/10.22533/at.ed.3862129091>

SASSE, J.; MARTINOIA, E.; NORTHEN, T. Feed Your Friends: Do Plant Exudates Shape the Root Microbiome? **Trends in Plant Science**, v. 23, p. 25-41, 2018.

<https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.09.003>.

SEHRAWAT, A., SINDHU, S.S. Potencial de agentes de biocontrole em plantas controle de doenças para melhorar a segurança alimentar. **Defence Life Science Journal**, Vol. 4, p. 220-225, 2019. <https://doi.org/10.14429/dlsj.4.14966>

SENA, P.T.S.; DO NASCIMENTO, T.R.; LINO, J.; OLIVEIRA, G. S.; NETO, R. A. F.; FREITAS, A. D. S.; FERNANDES-JÚNIOR, P. I.; MARTINS, L. M. V. Caracterização molecular, fisiológica e simbiótica de Cowpea Rizobia de Solos Sob Diferentes Sistemas Agrícolas do Semiárido do Brasil. **Journal of Soil Science and Plant Nutrition**, v. 20, p. 1178-1192, 2020. <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00203-3>

SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO. **Inventário Florestal Nacional: principais resultados: Paraíba**. Brasília, DF: MAPA, (Série Relatórios Técnicos - IFN). 84p. 2019. <https://www.florestal.gov.br/documentos/publicacoes/4341-ifn-pb-2019/file>

SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO. **Inventário Florestal Nacional: principais resultados: Ceará**. Brasília, DF: MMA, (Série Relatórios Técnicos - IFN). 104p. 2016. <https://www.florestal.gov.br/documentos/informacoes-florestais/inventario-florestal-nacional-ifn/resultados-ifn/2195-principais-resultados-ifn-ce/file>

SILVA, I. L.; SILVA, L. A. O.; COELHO, L. C. B. B. The brazilian caatinga biome and its biotechnological potential. In book: **Advances in Applied Science and Technology**, v. 5, p. 123-142, 2019. <https://www.researchgate.net/publication/333666979>

SILVA, I. R.; MELLO, C. M. A.; NETO, R. A. F.; SILVA, D. K. A.; MELO, A. L.; OEHL, F.; MAIA, L. C. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi along an environmental gradient in the Brazilian semiarid, **Applied Soil Ecology**, v. 84, p. 166-175, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.07.008>

SILVA, J. M. C.; BARBOSA, L. C. F.; LEAL, I. R.; TABARELLI, M. "The Caatinga: understanding the challenges" In: Silva, J. M. C.; Leal, I. R.; Tabarelli, M. (eds.) Caatinga. The largest tropical dry forest region in South America. Cham: **Springer International Publishing**, p. 3-19, 2017b. https://doi.org/10.1007/978-3-319-68339-3_1

SILVA, V. R. F. da. **Gênese de Luvisolos ao longo de uma climossequência sobre anfibolito no Semiárido de Pernambuco**. Dissertação (Mestrado em Ciências do Solo) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 94 p., 2018.

SINGH, P.; SAMMAURIA, R.; SINGH, M.; SINGH, S. K.; JATAV, H. S.; MEHJABEEN; YADAV, M. R.; DWIVEDI, A. K. Rhizobia: A Potent Tool for Amelioration of Drought Stress in Legumes. **Springer Nature**, p. 421-439, 2021. https://doi.org/10.1007/978-3-030-61153-8_19

SINGH, S., KUMAR, V., DHANJAL, D.S., DHAKA, S.V., THOTAPALLI, S., SINGH, J., ANIL, L.K.T., AGUILAR-MARCELINO, L. *Biologia da Rizosfera: Uma chave para a sustentabilidade agrícola*. In: YADAV, A.N., SINGH, J., SINGH, C., YADAV, N., (Eds.), *Current Trends in Microbial Biotechnology for Sustainable Agriculture*. Biotecnologia ambiental e microbiana. **Springer Nature**, Cingapura, p. 161-182, 2021. https://doi.org/10.1007/978-981-15-6949-4_7

SMITH, S. E.; READ, D. The symbionts forming arbuscular mycorrhizas, **Academic Press**, p. 13-41, 2008. <https://doi.org/10.1016/B978-012370526-6.50003-9>

SMITH, S. E.; SMITH, F. A. Roles of arbuscular mycorrhizas in plant nutrition and growth: new paradigms from cellular to ecosystem scales. **Annual Review of Plant Biology**, v. 62, p. 227–250, 2011. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042110-103846>

SUDENE. **Delimitação do semiárido**, 2021. Disponível em: <
<https://www.in.gov.br/web/dou/-/resolucao-condel/sudene-n-150-de-13-de-dezembro-de-2021-370970623>>. Acesso em 04 de março de 2022.

TAMURA, K.; STECHER, G.; PETERSON, D.; FILIPSKI, A.; KUMAR, S. MEGA 6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, p. 2725–2729. 2013. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst197>

TEIXEIRA, F. C.P.; REINERT, F.; RUMJANEK, N. G.; ROBERT, M.; BODDEY. Quantification of the contribution of biological nitrogen fixation to *Cratylia mollis* using the ¹⁵N natural abundance technique in the semi-arid Caatinga region of Brazil, **Soil Biology and Biochemistry**, v. 38, p. 1989-1993, 2006. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2005.11.013>

TILLER, K. G. Heavy Metals in Soils and Their Environmental Significance. **Advances in Soil Science**, v. 9, p. 113-142, 1989. https://doi.org/10.1007/978-1-4612-3532-3_2

TORRES, F. S. M.; PFTALZGRAFF, P. A. S. **Geodiversidade do estado de Pernambuco**. CPRM, Recife, 2014.

UROZ, S.; KELLY, L. C.; TURPAULT, M. P.; LEPLEUX, C.; FREY-KLETT, P. The Mineralosphere Concept: Mineralogical Control of the Distribution and Function of Mineral-associated Bacterial Communities, **Trends in Microbiology**, v. 23, p. 751-762, 2015, <https://doi.org/10.1016/j.tim.2015.10.004>

UROZ, S.; PICARD, L.; TURPAULT, M. P. Recent progress in understanding the ecology and molecular genetics of soil mineral weathering bacteria, **Trends in Microbiology**, v. 20, 16p., 2022. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2022.01.019>

VAN DER HEIJDEN, M. G.A.; THOMAS R. H. "Socialismo em Solo? A Importância das Redes Fúngicas Mycorrhizal para a facilitação em ecossistemas naturais." **Journal of Ecology**, v. 97, p. 1139-50, 2009. <http://www.jstor.org/stable/27754308>

VASCONCELLOS, R.L.F.; BONFIM, J.A.; BARETTA, D.; CARDOSO, E.J.B.N. Arbuscular Mycorrhizal Fungi and Glomalin-Related Soil Protein as Potential Indicators of Soil Quality in a Recuperation Gradient of the Atlantic Forest in Brazil. **Land Degradation & Development**, v. 27, p. 325-334, 2016. <https://doi.org/10.1002/ldr.2228>

VERMA, S. C.; LADHA, J. K.; TRIPATHI, A. K. Evaluation of plant growth promoting and colonization ability of endophytic diazotrophs from deep water rice. **Journal of Biotechnology**, v. 91, p. 127–141, 2001. [https://doi.org/10.1016/S0168-1656\(01\)00333-9](https://doi.org/10.1016/S0168-1656(01)00333-9)

VERSALOVIC, J.; SCHNEIDER, M.; DE BRUIJN, F. J.; LUPSKI, J. R. Genomic fingerprinting of bacteria using repetitive sequence-based polymerase chain reaction. **Methods in Molecular and Cellular Biology**, v.5, p.25-40, 1994.

VIEIRA, L.C.; SILVA, D.K.A.D.; ESCOBAR, I.E.C.; SILVA, J.M.D.; MOURA, I.A.D.; OEHL, F.; SILVA, G.A.D. Changes in an Arbuscular Mycorrhizal Fungi Community Along an Environmental Gradient. **Plants**, v. 9, p. 1-16, 2020. <https://doi.org/10.3390/plants9010052>

WAINWRIGHT, M.; AL-WAJEEH, K.; GRAYSTON, S.J. Effect of silicic acid and other silicon compounds on fungal growth in oligotrophic and nutrient-rich media. **Sociedade Mycológica Britânica**, v. 101, p. 933–938, 1997. <https://doi.org/10.1017/S0953756297003560>

WAINWRIGHT, M.; AL-WAJEEH, K.; WICKRAMASINGHE, N.C.; NARLIKAR, J. V. Did silicon aid in the establishment of the first bacterium? **International Journal of Astrobiology**, v. 2, p. 227-229, 2003. <https://doi.org/10.1017/s14735550403001587>

WANG, Q.; HONG, H.; LIAO, R.; YUAN, B.; LI, H.; LU, H.; LIU, J.; YAN, C. Glomalin-related soil protein: The particle aggregation mechanism and its insight into coastal environment improvement. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 227, p. 1-10, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.112940>

WANG, Q.; WANG, W.; HE, X.; ZHANG, W.; SONG, K.; HAN, S. Role and Variation of the Amount and Composition of Glomalin in Soil Properties in Farmland and Adjacent Plantations with Reference to a Primary Forest in North-Eastern China. **Plos One**, v. 10, p. 1-19, 2015. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0139623>

WANG, Q.; WU, Y.; WANG, W.; ZHONG, Z.; PEI, Z.; REN, J.; WANG, H.; ZU, Y. "Spatial Variations in Concentration, Compositions of Glomalin Related Soil Protein in Poplar Plantations in Northeastern China, and Possible Relations with Soil Physicochemical Properties", **The Scientific World Journal**, v.2014, p. 1-13, 2014. <https://doi.org/10.1155/2014/160403>

WANG, Y. L.; SUN, L. J.; XIAN, C. M.; KOU, F. L.; ZHU, Y.; HE, L.Y.; SHENG, X. F. Interactions between Biotite and the Mineral-Weathering Bacterium *Pseudomonas azotoformans* F77. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 86, 2020. <https://doi.org/10.1128/AEM.02568-19>

WEKESA, C.; MUOMA, J.O.; REICHEL, M.; ASUDI, G.O.; FURCH, A.C.U.; OELMÜLLER, R. The cell membrane of a new stage strain of rhizobium is the crucial target for aluminum toxicity and tolerance. **Células**, v. 11, p. 1-22, 2022. <https://doi.org/10.3390/cells11050873>

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

ZHANG, C.; WANG, M.-Y.; KHAN, N.; TAN, L.-L.; YANG, S. Potentials, Utilization, and Bioengineering of Plant Growth-Promoting Methylobacterium for Sustainable Agriculture. **Sustainability**, v. 13, p. 1-12, 2021. <https://doi.org/10.3390/su13073941>

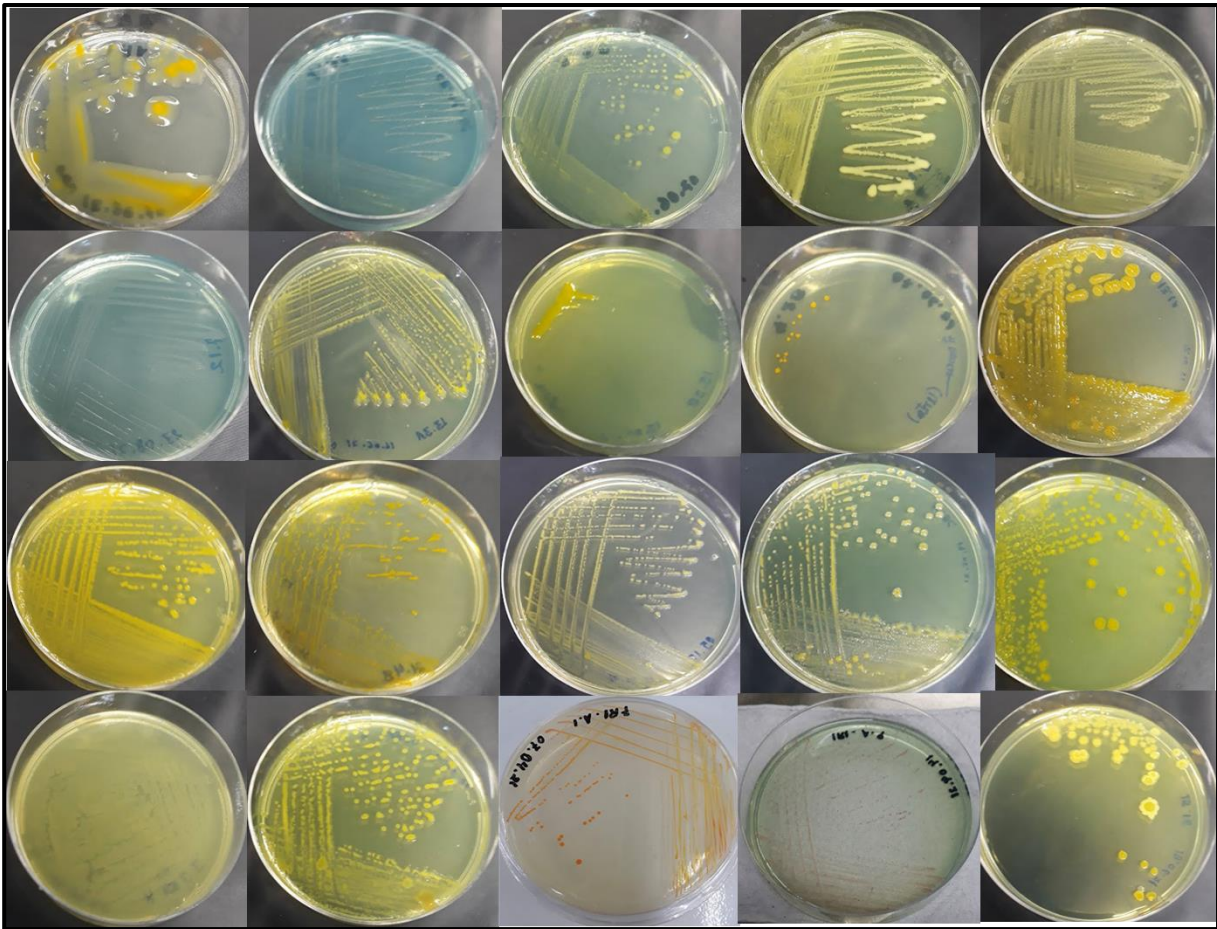
ANEXO A - Isolados bacterianos ao longo de um Planossolo com vegetação

Foto da autora

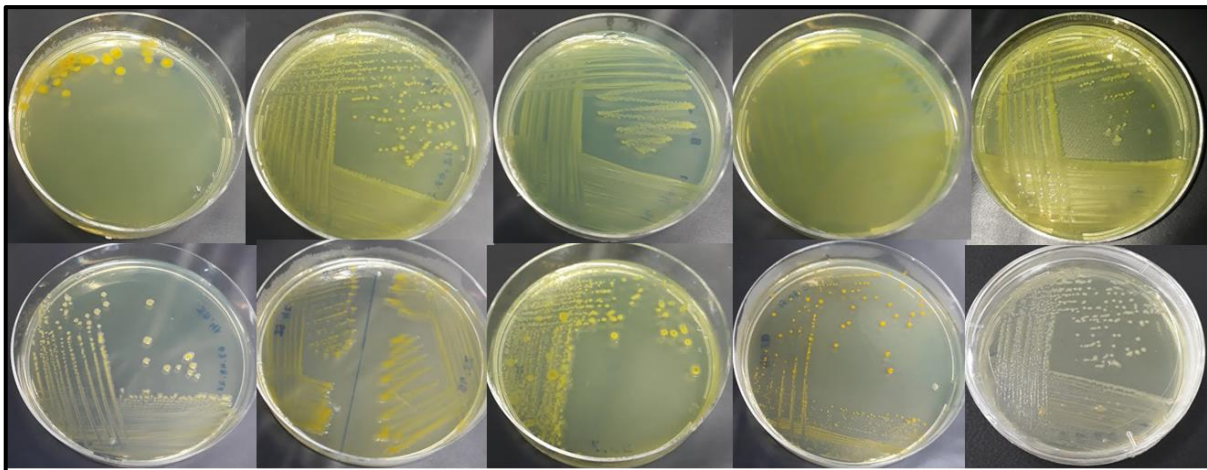
ANEXO B - Isolados bacterianos ao longo de um Planossolo em desertificação

Foto da autora

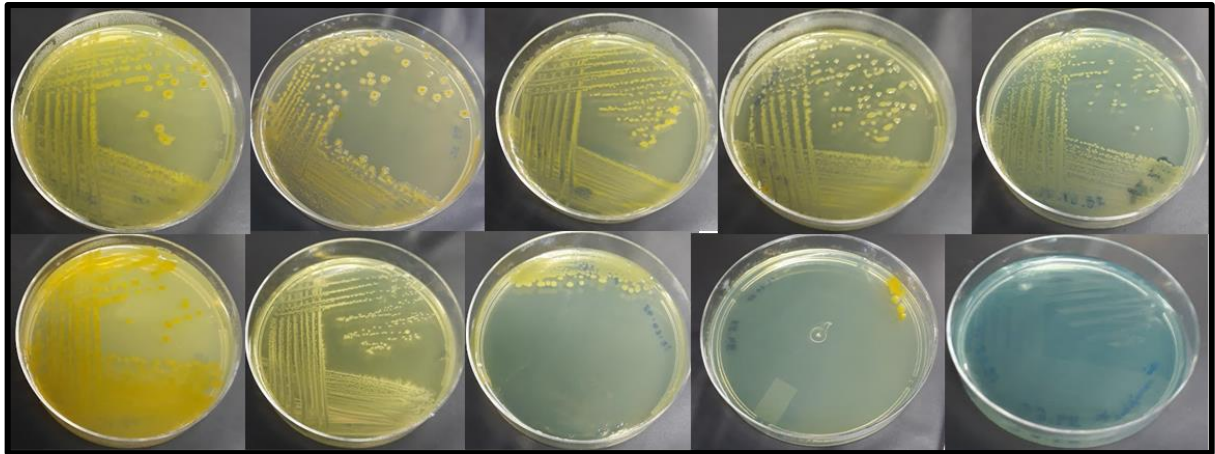
ANEXO C – Isolados bacterianos ao longo de um perfil de Luvissole com vegetação

Foto da autora

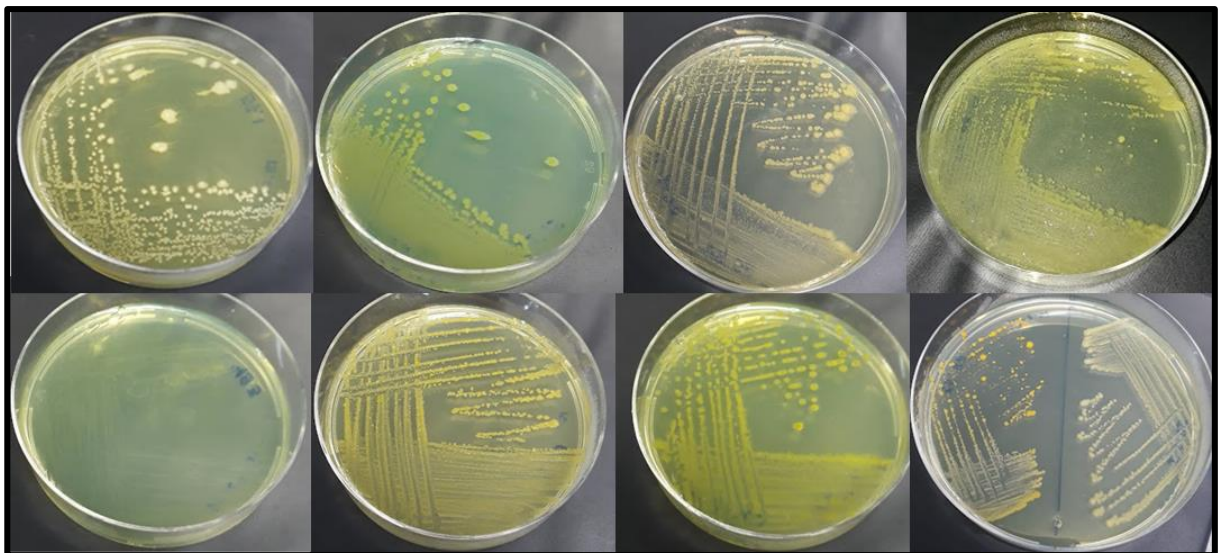
ANEXO D – Isolados bacterianos ao longo de um perfil de Luvissole em desertificação

Foto da autora

ANEXO E - Dendrograma de impressão digital de similaridade com base nos perfis BOX-PCR dos isolados do Planossolo com vegetação (PCV), Planossolo em desertificação (PAD), Luvissoilo com vegetação (LCV) e Luvissoilo em desertificação (LAD) do semiárido. Utilizando o algoritmo UPGMA e o coeficiente Jaccard

